

DEX-0209



FL

⑮ BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT

⑫ **Offenlegungsschrift**
⑩ **DE 198 17 948 A 1**

⑳ Aktenzeichen: 198 17 948.0
㉔ Anmeldetag: 17. 4. 98
㉕ Offenlegungstag: 21. 10. 99

㉙ Int. Cl.⁶:
C 07 K 16/00
C 07 K 14/435
A 61 K 38/17
C 07 H 21/04
C 12 N 15/11
C 12 N 15/63
C 12 N 1/00
C 12 N 5/10
// G01N 33/68,33/15

DE 198 17 948 A 1

㉚ Anmelder:
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,
14195 Berlin, DE

㉛ Vertreter:
Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505
Berlin

㉜ Erfinder:
Rosenthal, André, Prof. Dr., 10115 Berlin, DE;
Specht, Thomas, Dr., 12163 Berlin, DE; Hinzmann,
Bernd, Dr., 13127 Berlin, DE; Schmitt, Armin, Dr.,
14197 Berlin, DE; Pilarsky, Christian, Dr., 14532
Stahnsdorf, DE; Dahl, Edgar, Dr., 14480 Potsdam,
DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

㉞ Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Endometrium-Tumor

㉞ Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen - mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Endometriumtumor, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben.
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 17 948 A 1

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Endometriumtumor, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung. Eine Krebsstodesursachen bei Frauen ist der Endometriumtumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d. h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebetyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Endometriumtumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-126.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID No. 1-126.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID No. 1-126 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141, die im Endometriumtumor erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No. 1-126 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No. 1-126 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt,

lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung. 5

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird. 10

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden. 15

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID No. 142. 20

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF ID No. 142 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 kodiert werden. 25

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper und Phage-Display-Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID No. 142-528 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden können. 30

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF ID No. 142-528 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Uterustumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF ID No. 142-528 enthalten. 35

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern. 40

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No. 1-141 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5). 45

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 141, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer. 50

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen). 55

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält. 60

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen 65

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %.

Erklärung der Abbildungen

- Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank,
 Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung,
 5 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung,
 Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben,
 Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebspezifischen Expression über elektronischen Northern,
 Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern,
 Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.
 10 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

Beispiel 1

15 Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Uterusgewebe ESTs.
 30 Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

45 Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).
 50

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.
 60

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 136 gefunden, die 15,6 x stärker im Endometriumtumor als im Normalgewebe vorkommt.
 Das Ergebnis ist wie folgt:
 65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 136

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674	
Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982	
Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0150	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289	10
Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209	
Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0114	0.0041	2.7942	0.3579	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866	
Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8567	1.1673	
Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0104				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				35
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0056				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0142				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0126				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0068				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0076				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0171				
Haut-Muskel	0.0000				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0060				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0125				65

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust 0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duennndarm 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0036
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0035
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0077
65	Uterus_n 0.0042

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.3166	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0122				55
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				60
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				
					65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0281	0.2774	3.6055
	Brust 0.0090	0.0188	0.4764	2.0992
	Duennndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0176	0.4852	2.0611
	Gastrointestinal 0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
10	Gehirn 0.0118	0.0123	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0042	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge 0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0240	0.1428	7.0040
	Niere 0.0136	0.0274	0.4956	2.0176
20	Pankreas 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0109	0.0149	0.7312	1.3677
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
25	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0160			
	Prostata-Hyperplasie 0.0119			
	Samenblase 0.0178			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0278
	Gastrointestinal 0.0194
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0157
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefasse 0.0107
	Lunge 0.0145
	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0124
45	Placenta 0.0121
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0272
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0203
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0076
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0194
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0120
	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0155
65	Uterus_n 0.0083

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
Zervix	0.0213				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0041				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				65
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0167				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust 0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0093	0.0000	undef
10	Gehirn 0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis 0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata 0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium 0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0178			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0078			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0083
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0759
	Endokrines_Gewebe 0.0000
55	Foetal 0.0029
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
60	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0040
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0083

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917	5
Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694	
Duennndarm	0.0123	0.0331	0.3707	2.6973	
Eierstock	0.0120	0.0104	1.1513	0.8686	10
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0075	1.1321	0.8833	
Gastrointestinal	0.0096	0.0278	0.3451	2.8974	
Gehirn	0.0133	0.0164	0.8100	1.2346	
Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0170	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	
Lunge	0.0197	0.0164	1.2066	0.8288	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000	20
Muskel-Skelett	0.0034	0.0180	0.1904	5.2530	
Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439	
Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357	
Penis	0.0240	0.0267	0.8985	1.1129	
Prostata	0.0044	0.0192	0.2275	4.3961	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0272	0.8417	1.1881	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0192				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				30
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0104				
Zervix	0.0106				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				40
Gastrointestenstinal	0.0250				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0157				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0260				45
Herz-Blutgefesaesse	0.0178				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0121				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0251				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0136				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0354				
Endokrines_Gewebe	0.0000				60
Foetal	0.0245				
Gastrointestinal	0.0244				
Haematopoetisch	0.0228				65
Haut-Muskel	0.0551				
Hoden	0.0386				
Lunge	0.0082				70
Nerven	0.0181				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				75
Uterus_n	0.0167				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
5	Brust 0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
10	Gehirn 0.0037	0.0092	0.4000	2.5001
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0042	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0120	0.0000	undef
	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0087	0.0043	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0036
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0082
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0097
	Hoden 0.0000
60	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0155
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef	5
Brust	0.0000		0.0019		0.0000	undef	
Duenndarm	0.0031		0.0000		undef	0.0000	
Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0025		0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0019		0.0046		0.4142	2.4145	10
Gehirn	0.0000		0.0021		0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0021		0.0000		undef	0.0000	15
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef	
Penis	0.0000		0.0000		undef	undef	
Prostata	0.0022		0.0000		undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0118						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009						30
Zervix	0.0000						
FOETUS							
	%Haeufigkeit						35
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0079						
Haut	0.0000						40
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0108						
Nebenniere	0.0000						
Niere	0.0000						45
Placenta	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						50
Brust	0.0068						
Eierstock_n	0.0000						
Eierstock_t	0.0203						
Endokrines_Gewebe	0.0000						55
Foetal	0.0047						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0057						
Haut-Muskel	0.0000						
Hoden	0.0000						60
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0050						
Prostata	0.0137						
Sinnesorgane	0.0000						
Uterus_n	0.0000						65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestenlinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				55
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				60
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				
					65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0090	0.0188	0.4764	2.0992
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0213	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0035				
Gastrointestinal	0.0000				55
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0000				60
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				
					65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0201	0.1698	5.8889
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0309
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0250

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0000		0.0000		undef	undef	5
Brust	0.0000		0.0000		undef	undef	
Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef	
Eierstock	0.0030		0.0000		undef	0.0000	10
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef	
Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef	15
Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Herz	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef	25
Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef	
Niere	0.0054		0.0000		undef	0.0000	30
Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef	
Penis	0.0000		0.0000		undef	undef	
Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef	35
Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	40
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0000						45
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000						
Zervix	0.0000						50
							55
							60
							65

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000						35
Gastrointestinal	0.0000						
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut	0.0000						40
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nebenniere	0.0000						
Niere	0.0000						45
Placenta	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0000						50
Eierstock_n	0.0000						
Eierstock_t	0.0000						
Endokrines_Gewebe	0.0000						55
Foetal	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0000						
Hoden	0.0000						60
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Uterus_n	0.0000						65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389	5
Brust	0.0153	0.0188	0.8166	1.2245	
Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0182	0.4934	2.0268	
Endokrines_Gewebe	0.0187	0.0100	1.8679	0.5354	
Gastrointestinal	0.0192	0.0324	0.5917	1.6901	10
Gehirn	0.0067	0.0205	0.3240	3.0866	
Haematopoetisch	0.0147	0.0379	0.3882	2.5762	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0323	0.4412	2.2666	
Herz	0.0148	0.0275	0.5397	1.8529	15
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0156	0.0102	1.5241	0.6561	
Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578	
Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2850	0.7782	
Niere	0.0407	0.0068	5.9478	0.1681	20
Pankreas	0.0132	0.0110	1.1966	0.8357	
Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259	
Prostata	0.0153	0.0085	1.7913	0.5582	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970	25
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0192				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0353				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0165				
Zervix	0.0319				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0278				
Gastrointestinal	0.0056				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0393				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0124				
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0249				45
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0476				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.1114				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0175				
Gastrointestinal	0.0244				
Haematopoetisch	0.0114				
Haut-Muskel	0.0292				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0020				60
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0310				
Uterus_n	0.0167				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
10	Gehirn	0.0111	0.0031	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0208

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0256	0.3051	3.2777	5
Brust	0.0090	0.0113	0.7939	1.2595	
Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0286	0.3140	3.1849	
Endokrines_Gewebe	0.0255	0.0050	5.0944	0.1963	
Gastrointestinal	0.0096	0.0185	0.5177	1.9316	10
Gehirn	0.0044	0.0082	0.5400	1.8520	
Haematopoetisch	0.0134	0.0379	0.3529	2.8338	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0285	0.0194	1.4706	0.6800	
Herz	0.0042	0.0275	0.1542	6.4853	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0083	0.0184	0.4516	2.2144	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219	20
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857	
Penis	0.0060	0.0533	0.1123	8.9035	
Prostata	0.0262	0.0192	1.3648	0.7327	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0297				
Samenblase	0.0356				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0278				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0188				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0107				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0124				45
Placenta	0.0182				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0126				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0068				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0152				
Endokrines_Gewebe	0.0245				55
Foetal	0.0064				
Gastrointestinal	0.0244				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0389				
Hoden	0.0077				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0080				
Prostata	0.0274				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0458				65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0195	0.0102	1.9068	0.5244
	Brust 0.0115	0.0132	0.8750	1.1429
	Duennndarm 0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock 0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0125	0.9509	1.0516
	Gastrointestinal 0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
10	Gehirn 0.0096	0.0041	2.3399	0.4274
	Haematopoetisch 0.0080	0.0379	0.2117	4.7230
	Haut 0.0330	0.2542	0.1300	7.6946
	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0127	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0115	0.0468	0.2460	4.0652
	Lunge 0.0052	0.0082	0.6350	1.5747
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
	Niere 0.0081	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas 0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis 0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata 0.0087	0.0106	0.8189	1.2211
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0458	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0384			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0113			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0036
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0121
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0070
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0065
60	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0040
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0077
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0000		0.0000		undef	undef	5
Brust	0.0000		0.0000		undef	undef	
Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef	
Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef	10
Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0000		0.0000		undef	undef	15
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef	
Penis	0.0000		0.0000		undef	undef	
Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.2111		0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000						30
Zervix	0.0000						
FOETUS							
	%Haeufigkeit						35
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut	0.0000						40
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nebenniere	0.0000						
Niere	0.0000						45
Placenta	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						50
Brust	0.0000						
Eierstock_n	0.0000						
Eierstock_t	0.0000						
Endokrines_Gewebe	0.0000						55
Foetal	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0000						
Hoden	0.0000						60
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Uterus_n	0.0000						65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0128	0.0000 undef	5
Brust	0.0051	0.0075	0.6805 1.4694	
Duendarm	0.0123	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756 1.7372	
Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151 1.2268	
Gastrointestinal	0.0172	0.0093	1.8638 0.5365	10
Gehirn	0.0052	0.0010	5.0397 0.1984	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0201	0.0412	0.4883 2.0480	15
Hoden	0.0288	0.0234	1.2299 0.8130	
Lunge	0.0114	0.0184	0.6209 1.6105	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605 0.7933	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4759 2.1012	
Niere	0.0217	0.0000	undef 0.0000	20
Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731 1.4857	
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0065	0.0170	0.3839 2.6051	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef	25
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000 undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0192			
Prostata-Hyperplasie	0.0149			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
Zervix	0.0000			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0139			
Gastrointestinal	0.0111			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			40
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0071			
Lunge	0.0072			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0061			
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0203			55
Endokrines_Gewebe	0.0000			
_Foetal	0.0052			
Gastrointestinal	0.0244			
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0227			60
Hoden	0.0154			
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0030			
Prostata	0.0205			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0125			65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust 0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm 0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn 0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
15	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere 0.0000	0.0205	0.0000	undef
20	Pankreas 0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis 0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
25	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			
	Zervix 0.0106			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0029
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0083

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef	5
Brust	0.0064	0.0019	3.4026	0.2939	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	10
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0118	0.0031	3.8398	0.2604	15
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684	25
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000	30
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538	35
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	40
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				50
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0139				55
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0039				60
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				65
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				70
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0377				75
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0136				80
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				85
Foetal	0.0111				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				90
Haut-Muskel	0.0194				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				95
Nerven	0.0080				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				100
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741	5
Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796	
Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907	10
Gastrointestinal	0.0038	0.0185	0.2071	4.8289	
Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561	20
Magen-Speiseroe hre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044	
Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef	25
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				40
Gastrointestinal	0.0056				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgef aesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0101				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0140				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0680				
Hoden	0.0000				65
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0070				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus_n	0.0042				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0232
	Uterus_n	0.0083

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef	5
Brust	0.0153	0.0094	1.6333 0.6123	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0030	0.0130	0.2303 4.3431	
Endokrines Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585 0.7361	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0184	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0074	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0000	0.0020	0.0000 undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278 0.7004	
Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000	20
Pankreas	0.0033	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640 15.6211	25
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0256			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			30
Zervix	0.0000			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0028			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0520			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0062			45
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.0204			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0105			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0171			
Haut-Muskel	0.0162			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0060			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0167			65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust 0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal 0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0096			
	Prostata-Hyperplasie 0.0119			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef	
Endokrines Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				

FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_GeweBe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				55
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0020				60
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0167				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust 0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duenn darm 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
	Gastrointestinal 0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
10	Gehirn 0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch 0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0074	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere 0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
20	Pankreas 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata 0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0224			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0036
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0182
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0042

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef	
Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400	1.8520	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0062	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
_Foetal	0.0006	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0020	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	
		65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.2639	0.0256	39.0528
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	-Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestenlinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				60
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenndarm 0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0057	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn 0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0010	0.0082	0.1270	7.8735
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0081	0.0479	0.1699	5.8845
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.2639	0.0256	39.0528
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0340
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0029
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0171
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0246
	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0083

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
60	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0023				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0077				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0077				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust 0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0404	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000	undef
20	Pankreas 0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis 0.0269	0.1066	0.2527	3.9571
	Prostata 0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0106			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0036
	Lunge 0.0108
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0101
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0064
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
60	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0042

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef	
Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0096	0.0231	0.4142	2.4145	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	
Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0047				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
60	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917	5
Brust	0.0051	0.0113	0.4537	2.2042	
Duenn darm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982	
Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0251	0.5434	1.8403	
Gastrointestinal	0.0153	0.0185	0.8283	1.2072	10
Gehirn	0.0118	0.0041	2.8798	0.3472	
Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.0129	0.7353	1.3600	
Herz	0.0064	0.0275	0.2313	4.3235	15
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef	
Lunge	0.0187	0.0164	1.1431	0.8748	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755	
Niere	0.0081	0.0205	0.3965	2.5219	20
Pankreas	0.0182	0.0055	3.2906	0.3039	
Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259	
Prostata	0.0131	0.0213	0.6142	1.6282	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.1583	0.0854	11.7158	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0192				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0199				30
Zervix	0.0106				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0071				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0182				45
Prostata	0.0499				
Sinnesorgane	0.0126				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0204				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0101				
Endokrines_Gewebe	0.0490				55
Foetal	0.0122				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0399				
Haut-Muskel	0.0454				
Hoden	0.0231				60
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0301				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0167				65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust 0.0102	0.0226	0.4537	2.2042
	Duendarm 0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock 0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe 0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal 0.0153	0.0046	3.3134	0.3018
	Gehirn 0.0074	0.0103	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch 0.0053	0.0379	0.1412	7.0845
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0143	0.0129	1.1029	0.9067
	Herz 0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
15	Hoden 0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0125	0.0164	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett 0.0154	0.0060	2.5700	0.3891
	Niere 0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
20	Pankreas 0.0083	0.0276	0.2991	3.3428
	Penis 0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata 0.0196	0.0149	1.3161	0.7598
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0136	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0208			
	Samenblase 0.0178			
	Sinnesorgane 0.0706			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0251			
	Zervix 0.0106			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0139
	Gehirn 0.0125
	Haematopoetisch 0.0118
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0217
	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0185
45	Placenta 0.0303
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0272
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0557
55	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0402
	Gastrointestinal 0.0610
	Haematopoetisch 0.0342
	Haut-Muskel 0.0486
60	Hoden 0.0309
	Lunge 0.0328
	Nerven 0.0100
	Prostata 0.0274
	Sinnesorgane 0.0310
65	Uterus_n 0.0291

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0094	0.1361	7.3472
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
10	Gehirn	0.0052	0.0062	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0412	0.1285	7.7824
15	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
20	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	10
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0107				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0012				65
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				70
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				75
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse			
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N		
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5	
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef		
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef		
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef		
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef		
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10	
Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945		
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef		
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef		
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000		
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef		
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020		
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef		
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef		
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef		
Uterus_Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000	undef		
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef		
Brust-Hyperplasie	0.0000					
Prostata-Hyperplasie	0.0030					
Samenblase	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000				30	
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
Zervix	0.0000					
FOETUS						
	%Haeufigkeit				35	
Entwicklung	0.0000					
Gastrointestinal	0.0000					
Gehirn	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut	0.0000					
Hepatisch	0.0000				40	
Herz-Blutgefuesse	0.0000					
Lunge	0.0000					
Nebenniere	0.0000					
Niere	0.0000					
Placenta	0.0000					
Prostata	0.0000				45	
Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit				50	
Brust	0.0000					
Eierstock_n	0.0000					
Eierstock_t	0.0000					
Endokrines_Gewebe	0.0000					
Foetal	0.0006					
Gastrointestinal	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut-Muskel	0.0000					
Hoden	0.0000					
Lunge	0.0000					
Nerven	0.0000				60	
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
Uterus_n	0.0000					
					65	

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef	10
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0044	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	20
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0106				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0006				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				65
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0040				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn 0.0015	0.0031	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch 0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0441	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz 0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata 0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0101
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0065
60	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0071				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0126				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal 0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn 0.0022	0.0041	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0036
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
45	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0042

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0117	0.0128	0.9153	1.0926	5
Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268	
Gastrointestinal	0.0134	0.0046	2.8992	0.3449	10
Gehirn	0.0103	0.0113	0.9163	1.0913	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef	
Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551	15
Lunge	0.0145	0.0123	1.1854	0.8436	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143	20
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkerperchen	0.0052				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0260				
Herz-Blutgefuesse	0.0107				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
-Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0366				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0075	0.5104	1.9593
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0185	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.1908	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0124
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					35
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					55
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				65
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				70
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust 0.0281	0.0226	1.2476	0.8015
	Duennndarm 0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn 0.0044	0.0072	0.6171	1.6205
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0154	0.0180	0.8567	1.1673
	Niere 0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
20	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium 0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0128			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0106			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0139
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0181
	Nebenniere 0.0254
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0303
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0476
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0101
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0151
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0050
	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0208

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0102	1.5254	0.6555	5
Brust	0.0115	0.0207	0.5568	1.7960	
Duennndarm	0.0215	0.0165	1.2976	0.7707	
Eierstock	0.0240	0.0260	0.9210	1.0858	
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0176	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0172	0.0139	1.2425	0.8048	10
Gehirn	0.0170	0.0246	0.6900	1.4494	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0238	0.0194	1.2255	0.8160	
Herz	0.0180	0.0275	0.6553	1.5260	15
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	
Lunge	0.0156	0.0164	0.9526	1.0498	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837	
Niere	0.0081	0.0411	0.1983	5.0439	20
Pankreas	0.0116	0.0055	2.0940	0.4775	
Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807	
Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				
Zervix	0.0426				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0139				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0157				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0260				
Herz-Blutgefuesse	0.0213				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0126				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				55
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0151				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0194				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0246				
Nerven	0.0211				
Prostata	0.0274				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0125				65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0056	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0072	0.8228	1.2153
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0170	0.8957	1.1165
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0058
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse			
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N		
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5	
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef		
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef		
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10	
Endokrines Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000		
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef		
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef		
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef		
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef		
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef		
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef		
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef		
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef		
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef		
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef		
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef		
Brust-Hyperplasie	0.0000					
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30	
Samenblase	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
Zervix	0.0000					
FOETUS						
	%Haeufigkeit					35
Entwicklung	0.0000					40
Gastrointestinal	0.0000					
Gehirn	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut	0.0000					
Hepatisch	0.0000					45
Herz-Blutgefuesse	0.0000					
Lunge	0.0000					
Nebenniere	0.0000					
Niere	0.0000					
Placenta	0.0000					50
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit					55
Brust	0.0000					60
Eierstock_n	0.0000					
Eierstock_t	0.0000					
Endokrines_Gewebe	0.0000					
Foetal	0.0006					
Gastrointestinal	0.0000					65
Haematopoetisch	0.0000					
Haut-Muskel	0.0000					
Hoden	0.0000					
Lunge	0.0000					
Nerven	0.0000					65
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
Uterus n	0.0000					

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust 0.0038	0.0094	0.4083	2.4491
	Duennndarm 0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock 0.0150	0.0208	0.7195	1.3898
	Endokrines_Gewebe 0.0136	0.0100	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal 0.0230	0.0046	4.9700	0.2012
	Gehirn 0.0096	0.0082	1.1699	0.8547
	Haematopoetisch 0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0052	0.0041	1.2701	0.7873
	Magen-Speiserohre 0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
	Niere 0.0081	0.0274	0.2974	3.3626
20	Pankreas 0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis 0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata 0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
25	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0256			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0278
	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0236
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0356
	Lunge 0.0289
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0628

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0204
	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0047
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0228
	Haut-Muskel 0.0097
60	Hoden 0.0231
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0100
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0083

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0244	0.0137	1.7843	0.5604
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
FOETUS					
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				40
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
					55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				60
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				65
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit		
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0125			

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389	5
Brust	0.0038	0.0188	0.2042	4.8982	
Duennndarm	0.0153	0.0331	0.4634	2.1579	
Eierstock	0.0120	0.0208	0.5756	1.7372	
Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0125	1.0868	0.9201	
Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0052	0.0041	1.2599	0.7937	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0847	0.0000	undef	
Hepatisch	0.0095	0.0194	0.4902	2.0400	
Herz	0.0307	0.0275	1.1179	0.8945	
Hoden	0.0000	0.0351	0.0000	undef	15
Lunge	0.0042	0.0286	0.1452	6.8893	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347	
Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219	
Pankreas	0.0116	0.0110	1.0470	0.9551	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.1583	0.0854	11.7158	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732	25
Uterus_allgemein	0.0102	0.1908	0.0534	18.7357	
Brust-Hyperplasie	0.0160				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0130				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0557				
Gastrointestinal	0.0194				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0142				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0748				
Sinnesorgane	0.0126				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0245				55
Foetal	0.0105				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0421				
Hoden	0.0077				60
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0137				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0083				65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

This Page Blank (uspto)

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0182	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0728	0.0185	3.9346	0.2542
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0608
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				35
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0309				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0068				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0047				
Gastrointestinal	0.0366				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				60
Hoden	0.0154				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0040				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus_n	0.0125				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm 0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock 0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge 0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0039
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0071
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0029
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555	5
Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0125	0.9509	1.0516	
Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048	10
Gehirn	0.0059	0.0051	1.1519	0.8681	
Haematopoetisch	0.0187	0.0379	0.4940	2.0241	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef	20
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				35
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				40
Haut	0.2513				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0124				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0068				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0023				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				60
Hoden	0.0154				
Lunge	0.0246				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0077				
Uterus_n	0.0083				65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0231	0.0828	12.0723
	Gehirn	0.0089	0.0031	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0151
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0130
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0208

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0000		0.0000		undef	undef	5
Brust	0.0000		0.0000		undef	undef	
Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef	
Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef	10
Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0000		0.0000		undef	undef	15
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0000		0.0020		0.0000	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef	
Penis	0.0000		0.0000		undef	undef	
Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.2111		0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000						
Zervix	0.0000						
FOETUS							35
%Haeufigkeit							
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						40
Haut	0.0000						
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nebenniere	0.0000						
Niere	0.0000						45
Placenta	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							50
%Haeufigkeit							
Brust	0.0000						
Eierstock_n	0.0000						
Eierstock_t	0.0000						55
Endokrines_Gewebe	0.0000						
Foetal	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0000						60
Hoden	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Uterus_n	0.0000						65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0213				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefafaesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				65
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0000				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0000		0.0000		undef	undef	5
Brust	0.0013		0.0000		undef	0.0000	
Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef	
Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef	10
Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0000		0.0000		undef	undef	15
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Pankreas	0.0000		0.0055		0.0000	undef	
Penis	0.0000		0.0000		undef	undef	
Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.1583		0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0068		0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000						
Zervix	0.0000						
FOETUS							
	%Haeufigkeit						35
Entwicklung	0.0278						
Gastrointestinal	0.0028						
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						40
Haut	0.0000						
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nebenniere	0.0000						
Niere	0.0000						45
Placenta	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						50
Brust	0.0068						
Eierstock_n	0.0000						
Eierstock_t	0.0000						55
Endokrines_Gewebe	0.0000						
Foetal	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0000						60
Hoden	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						65
Uterus_n	0.0042						

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef	5
Brust	0.0077	0.0150	0.5104	1.9593	
Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0208	0.4317	2.3163	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0150	0.4528	2.2083	
Gastrointestinal	0.0268	0.0231	1.1597	0.8623	10
Gehirn	0.0081	0.0123	0.6600	1.5152	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800	
Herz	0.0011	0.0412	0.0257	38.9118	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367	
Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837	
Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991	3.3428	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0305	0.0554	0.5512	1.8143	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0039				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0507				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0136				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0253				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0070				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0097				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0131				
Prostata	0.0205				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0083				65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0006				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust 0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
	Duennndarm 0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock 0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0038	0.0139	0.2761	3.6217
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0044	0.0149	0.2925	3.4192
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0192			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0106			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0007	0.0010	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				35
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0006				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0114				
Haut-Muskel	0.0032				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
FOETUS					
40	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
45	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
50	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
55	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
60	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
65	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
70	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
75	Uterus_n	0.0042			

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	35
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	40
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				50
					55
					60
					65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal 0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
	Hepatisch 0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026			
	Zervix 0.0106			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0111
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0036
	Lunge 0.0108
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0041
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0065
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0050
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0125

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

	NORMAL	TUMOR	Verhältnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				35
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				40
Haut	0.2513				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0107				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0121				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0029				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				60
Hoden	0.0154				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0208				65

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

I QUERY: ucl_g1989470_2.fasta.ext

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
60	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	10
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				35
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				40
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0029				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0068				65
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

I

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694		
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef		
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef		
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef		
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef		
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef		
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef		
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
	Zervix	0.0000					

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0533	0.0000	undef	
Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
Zervix	0.0000				35
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				40
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0000				65
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0083				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				35
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				40
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0000				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

I

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				35
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				40
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				45
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

I

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				35
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				40
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
_Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				65
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

I

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0111
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
45	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0000

55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0050
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				35
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				40
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				65
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

I

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef	5
Brust	0.0051	0.0038	1.3611 0.7347	
Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854 5.3946	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef	10
Endokrines Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792 1.4722	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000 1.6668	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	15
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0064	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0031	0.0041	0.7621 1.3122	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef	20
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	
Penis	0.0030	0.0267	0.1123 8.9035	
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	25
Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640 15.6211	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445 0.4455	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			30
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
Zervix	0.0000			35
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0028			40
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0036			45
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0126			50
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0136			55
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0035			
Gastrointestinal	0.0000			60
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0077			
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0030			65
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0310			
Uterus_n	0.0042			

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

I

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				35
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				40
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				65
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

I

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0231
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0050
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				35
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				40
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				45
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				50
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0012				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0125				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

I

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
10	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0030
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0310
	Uterus_n	0.0042

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145	
Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0031	0.0164	0.1905	5.2490	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000	20
Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308	25
Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0204	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
Zervix	0.0106				35
FOETUS					
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0000				40
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0260				
Herz-Blutgefuesse	0.0107				45
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0062				
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.1595				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0087				
Gastrointestinal	0.0244				60
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0356				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0010				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0250				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666	5
Brust	0.0128	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	10
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361	
Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072	
Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538	25
Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				
Zervix	0.0106				35
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0056				40
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefasse	0.0000				
Lunge	0.0036				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0076				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0228				
Haut-Muskel	0.0227				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0060				65
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0155				
Uterus_n	0.0083				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust 0.0038	0.0094	0.4083	2.4491
	Duennndarm 0.0061	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0041	0.0000	undef
20	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0044	0.0128	0.3412	2.9308
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0096			
30	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0087			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0101
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0041
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0456
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0010
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0042

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

I QUERY: uet_g1988732_2.fasta.ext

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				35
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				40
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0077				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				65
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0110
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 128

I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933	5
Brust	0.0090	0.0075	1.1909	0.8397	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029	10
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403	
Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145	
Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209	
Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510	
Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610	
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0043				
Zervix	0.0000				35
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0028				40
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0071				
Lunge	0.0145				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0228				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0154				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0060				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 129

I

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 130

I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0230	1.0170	0.9833	5
Brust	0.0269	0.0207	1.2992	0.7697	
Duennndarm	0.0061	0.0662	0.0927	10.7893	
Eierstock	0.0150	0.0572	0.2616	3.8219	10
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778	
Gastrointestinal	0.0134	0.0463	0.2899	3.4492	
Gehirn	0.0015	0.0092	0.1600	6.2504	
Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0551	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200	
Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	
Lunge	0.0073	0.0286	0.2540	3.9367	
Magen-Speiserohre	0.0966	0.0077	12.6053	0.0793	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	
Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143	
Penis	0.0329	0.1600	0.2059	4.8565	
Prostata	0.0087	0.0043	2.0473	0.4885	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				30
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
Zervix	0.0532				35
FOETUS					
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0417				
Gastrointestinal	0.0056				40
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0071				
Lunge	0.0036				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				
Placenta	0.0121				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0136				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0101				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0146				
Gastrointestinal	0.0366				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0573				
Nerven	0.0040				
Prostata	0.0205				65
Sinnesorgane	0.0077				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 131

I

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 132

I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0165	0.0000	undef	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800	
Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				35
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				40
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0036				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0126				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0082				
Gastrointestinal	0.0122				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0246				
Nerven	0.0100				
Prostata	0.0000				65
Sinnesorgane	0.0077				
Uterus_n	0.0042				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 133

I

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0226	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0081	0.0092	0.8800	1.1364
	Haematopoetisch	0.0067	0.0379	0.1764	5.6676
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5711	1.7510
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0064	2.3885	0.4187
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0387			
	Uterus_n	0.0250			

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 134

I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				30
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				35
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				40
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefasse	0.0000				
Lunge	0.0000				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0006				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				60
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				65
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 135

I

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0312	0.0486	0.6423	1.5569
	Brust	0.0192	0.0282	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0210	0.0364	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0326	0.8882	1.1258
	Gastrointestinal	0.0460	0.0231	1.9880	0.5030
	Gehirn	0.0532	0.0575	0.9257	1.0803
	Haematopoetisch	0.0348	0.0379	0.9175	1.0899
15	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0647	0.0735	13.5999
	Herz	0.0699	0.0412	1.6961	0.5896
	Hoden	0.0288	0.4210	0.0683	14.6349
	Lunge	0.0343	0.0368	0.9314	1.0737
20	Magen-Speiserohre	0.0773	0.0230	3.3614	0.2975
	Muskel-Skelett	0.0497	0.0660	0.7528	1.3283
	Niere	0.0353	0.1575	0.2241	4.4619
	Pankreas	0.0165	0.0939	0.1760	5.6828
	Penis	0.0299	0.0267	1.1232	0.8903
25	Prostata	0.0196	0.0298	0.6580	1.5197
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.1583	0.1707	5.8579
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0679	0.3367	2.9702
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0505			
	Samenblase	0.0890			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0399			
	Zervix	0.0319			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.0333
40	Gehirn	0.0313
	Haematopoetisch	0.0197
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0783
45	Lunge	0.0217
	Nebenniere	0.0507
	Niere	0.0309
	Placenta	0.0727
	Prostata	0.0997
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0244
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0141
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0310
	Uterus_n	0.0125

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 136

I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666	5
Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	10
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681	
Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145	
Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775	
Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538	25
Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				30
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				
Zervix	0.0000				35
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0056				40
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0036				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0204				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0152				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0082				
Gastrointestinal	0.0122				60
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0154				
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0060				
Prostata	0.0205				65
Sinnesorgane	0.0077				
Uterus_n	0.0042				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 137

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 138

I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111	5
Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694	
Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef	
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				35
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				40
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0000				65
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 139

I

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0115	0.0169	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0176	0.8733	1.1451
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0074	0.0092	0.8000	1.2501
	Haematopoetisch	0.0080	0.0758	0.1059	9.4460
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0114	0.0164	0.6985	1.4315
20	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
	Niere	0.0136	0.0137	0.9913	1.0088
	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
45	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0424
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0204
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0099
	Gastrointestinal	0.0244
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0259
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0090
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 140

I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				35
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0000				40
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0006				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				65
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 141

I

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit		
	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
	Duenndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0120	0.0104	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0176	0.5822	1.7176
	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0052	0.0072	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0104	0.0204	0.5080	1.9684
20	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0240	0.3569	2.8016
	Niere	0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153	0.0149	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0270	0.2111	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
30	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0305			
40	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
45	Lunge	0.0253			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 142

I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0383	0.7119	1.4047	5
Brust	0.0141	0.0244	0.5758	1.7366	
Duennndarm	0.0245	0.0331	0.7415	1.3487	
Eierstock	0.0120	0.0312	0.3838	2.6058	10
Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0201	1.4434	0.6928	
Gastrointestinal	0.0287	0.0278	1.0354	0.9658	
Gehirn	0.0133	0.0298	0.4469	2.2378	
Haematopoetisch	0.0281	0.0379	0.7411	1.3494	
Haut	0.0073	0.0847	0.0866	11.5419	15
Hepatisch	0.0381	0.0259	1.4706	0.6800	
Herz	0.0191	0.1512	0.1262	7.9265	
Hoden	0.0173	0.0702	0.2460	4.0652	
Lunge	0.0447	0.0470	0.9498	1.0528	
Magen-Speiserohre	0.0773	0.0153	5.0421	0.1983	20
Muskel-Skelett	0.0668	0.0420	1.5909	0.6286	
Niere	0.0190	0.0342	0.5551	1.8014	
Pankreas	0.0066	0.0331	0.1994	5.0142	
Penis	0.0150	0.1600	0.0936	10.6842	
Prostata	0.0196	0.0149	1.3161	0.7598	25
Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0204	1.1223	0.8911	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				30
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.1240				
Zervix	0.0213				35
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0111				40
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0118				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0260				
Herz-Blutgefasse	0.0107				
Lunge	0.0036				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0364				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0126				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0408				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0253				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0169				
Gastrointestinal	0.0244				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0454				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0000				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 143

I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0390	0.0383	1.0170	0.9833
	Brust 0.0102	0.0301	0.3403	2.9389
	Duenn darm 0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0156	0.1919	5.2117
10	Endokrines_Gewebe 0.0358	0.0351	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal 0.0115	0.0278	0.4142	2.4145
	Gehirn 0.0148	0.0226	0.6545	1.5279
	Haematopoetisch 0.0227	0.2273	0.1000	10.0016
	Haut 0.0367	0.1695	0.2166	4.6168
15	Hepatisch 0.0285	0.0582	0.4902	2.0400
	Herz 0.0445	0.0687	0.6476	1.5441
	Hoden 0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
	Lunge 0.0291	0.0470	0.6185	1.6169
	Magen-Speiserohre 0.0580	0.0153	3.7816	0.2644
20	Muskel-Skelett 0.0685	0.0840	0.8159	1.2257
	Niere 0.0244	0.0685	0.3569	2.8022
	Pankreas 0.0116	0.0607	0.1904	5.2530
	Penis 0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.6332	0.0213	46.8633
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0408	0.1870	5.3463
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0128			
	Prostata-Hyperplasie 0.0149			
30	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0867			
	Zervix 0.0639			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0167
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0236
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0182
	Prostata 0.0997
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
55	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0035
	Gastrointestinal 0.0122
60	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0030
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0464
	Uterus_n 0.0000

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 144

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse			
	%Haefufigkeit	%Haefufigkeit	N/T	T/N		
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5	
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000		
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef		
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef		
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef		
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef		
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef		
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef		
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef		
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef		
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000		
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef		
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef		
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef		
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef		
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef		
Brust-Hyperplasie	0.0000					
Prostata-Hyperplasie	0.0000					
Samenblase	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000				30	
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
Zervix	0.0000					
FOETUS						
	%Haefufigkeit				35	
Entwicklung	0.0000					
Gastrointestinal	0.0000					
Gehirn	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000				40	
Haut	0.0000					
Hepatisch	0.0000					
Herz-Blutgefasse	0.0000					
Lunge	0.0000					
Nebenniere	0.0000					
Niere	0.0000				45	
Placenta	0.0000					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						50
	%Haefufigkeit					
Brust	0.0000					
Eierstock_n	0.0000					
Eierstock_t	0.0000				55	
Endokrines_Gewebe	0.0000					
Foetal	0.0006					
Gastrointestinal	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut-Muskel	0.0000				60	
Hoden	0.0000					
Lunge	0.0000					
Nerven	0.0000					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
Uterus n	0.0000				65	

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 145

I

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0331	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0077	0.0139	0.5522	1.8109
	Gehirn	0.0059	0.0062	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0143	0.4355	2.2964
20	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
45	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 146

I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef undef	5
Brust	0.0013	0.0056	0.2268 4.4083	
Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707 2.6973	
Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025 0.4343	10
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792 1.4722	
Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567 0.6036	
Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000 undef	
Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0000	0.0275	0.0000 undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0000	0.0041	0.0000 undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef	20
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856 3.5020	
Niere	0.0054	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0044	0.0064	0.6824 1.4654	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			30
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0000			35
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0056			40
Gehirn	0.0063			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefasse	0.0036			
Lunge	0.0036			45
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0251			50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			55
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0051			
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0041			
Gastrointestinal	0.0244			60
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0010			
Prostata	0.0137			65
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 147

I

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

DE 198 17 948 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 148

I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef	5
Brust	0.0064	0.0150	0.4253 2.3511	
Duendarm	0.0000	0.0496	0.0000 undef	
Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025 0.4343	10
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585 0.7361	
Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708 0.4829	
Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079 0.9921	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0083	0.0061	1.3548 0.7381	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000 undef	20
Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965 2.5219	
Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983 1.6714	
Penis	0.0120	0.0267	0.4493 2.2259	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000 undef	25
Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640 15.6211	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			30
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
Zervix	0.0000			35
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0139			40
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0071			45
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0061			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0136			55
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0101			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0082			
Gastrointestinal	0.0000			60
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0154			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0040			
Prostata	0.0068			65
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen.

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterustumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORFs) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe	Homolog zu / Identisch mit	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
1	96.43	unbekannt	377	1046	D2S174-D2S390
2	100.00	Mouse mammary tumor virus proviral envelope gene Polymerase protein	351	373	
3	99.47	Homolog zu Human protein kinase C-binding protein RACK17	261	1571	D1S477-D1S504
4	98.71	Homolog zu Human mRNA for KIAA0079	200	1789	D10S537-D10S218
5	93.39	Caenorhabditis elegans cosmid T23B12	174	2361	
6	98.71	Caenorhabditis elegans cosmid C01A2	248	1638	D20S100-D20S173
7	96.43	unbekannt	244	1034	D12S1589-D12S85
8	98.71	unbekannt	308	947	
9	98.71	unbekannt	278	497	
10	99.85	unbekannt	210	269	
11	99.85	unbekannt	291	1717	
12	98.71	unbekannt	271	1419	
13	99.47	unbekannt	253	671	
14	98.71	unbekannt	133	524	
15	98.71	unbekannt	285	345	
16	98.71	rGSTK1-1=glutathione S-transferase subunit 13	332	1060	D6S1617-D6S1674
17	98.71	Rattus norvegicus neuritin	312	1721	Chrom. 2
18	99.47	Rattus norvegicus cytosolic NADP-dependent isocitrate dehydrogenase	370	2367	
19	98.71	Rat unr mRNA for unr protein with unknown function	269	1321	D1S418-D1S252
20	99.98	Rat prostatic binding protein polypeptide c1	337	384	
21	98.71	Rat GTP-binding protein (rat B)	276	367	
22	98.71	R.norvegicus mRNA for TRAP-complex gamma subunit	254	2621	
23	98.71	P.sativum mRNA for Cop1 protein	431	2019	D1S242-D1S416
24	99.85	P.falciptarum pfmdr1 gene	359	1866	

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe	Homolog zu / Identisch mit	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
25	98.71	ORF 5' of ECLF2... ECRF3=G protein-coupled receptor homolog	317	1189	
26	96.43	O. cuniculus lambda-crystallin mRNA	318	1418	
27	96.43	Mus musculus flotillin	236	814	
28	96.43	Mouse glycerol-3-phosphate acyltransferase	295	3039	
29	98.71	Mouse clathrin-associated protein (AP47)	251	1448	
30	93.39	Lycopersicon esculentum biotin-containing subunit of methylcrotonyl-CoA carboxylase	317	1394	
31	98.71	Leucine aminopeptidase, bovine	367	734	
32	96.43	Klebsiella pneumoniae possible RNA helicase (dead)	243	692	
33	99.99	Human mamoglobin Homolog	268	517	
34	98.71	Human DNA sequence from PAC 138A5 on chromosome X	284	322	
35	99.99	Human DNA sequence from clone 230G1	282	1559	
36	98.71	Human DNA sequence from clone 217C2	210	1072	
37	98.71	Human Cosmid Clone 26a1	369	454	D22S420-D22S446
38	98.71	Homolog zu Human chromosome 3p21.1 gene sequence	302	700	3p21.1
39	98.71	Homo sapiens DNA from chromosome 19-cosmid f21246	274	914	
40	98.71	H. sapiens mRNA for Ptg-1 protein	329	1669	D17S751-D17S797
41	98.71	H. sapiens CpG island DNA genomic Mse1 fragment	354	355	
42	98.78	H. sapiens (TL5) mRNA from LNCaP cell line	348	2628	
43	98.71	Genomic sequence from Human 9q34	269	2535	D9S179-D9S164
44	99.85	Drosophila melanogaster misato gene	282	805	D1S305-D1S506
45	99.85	Chicken mRNA for vitellogenin I	246	1279	
46	99.85	Caenorhabditis elegans DNA from clone F31D4	235	1923	
47	99.85	Caenorhabditis elegans cosmid ZK863	273	706	
48	99.85	Caenorhabditis elegans cosmid ZK863	292	749	
49	96.43	Caenorhabditis elegans cosmid ZK596	279	857	D10S212
50	98.71	Caenorhabditis elegans cosmid T26A5	236	268	
51	99.85	Caenorhabditis elegans cosmid T21G5	253	297	
52	99.85	Caenorhabditis elegans cosmid F56D5	185	590	
53	96.43	Caenorhabditis elegans cosmid F25D7	307	1714	
54	98.71	Caenorhabditis elegans cosmid F08C6	200	1340	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe	Homolog zu / Identisch mit	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
55	96.43	C.botulinum bont (partial) and ntth genes	415	765	
56	96.43	Bovine mRNA fragment for 49 kDa subunit of mitochondrial NADH:ubiquinone oxidoreductase (EC 1.6.5.3)	398	1647	
57	99.85	Bos taurus (clone pTKD7) dopamine and cyclic AMP-regulated neuronal phosphoprotein (DARPP-32)	255	1166	
58	98.71	A.thaliana mRNA for RNA helicase	274	487	D5S396-
59	93.39	A. thaliana glycine-rich protein {clone atGRP-4}	236	1630	D5S2119
60	93.39	Saccharomyces cerevisiae Grd19p (GRD19)	306	1272	
61	96.43	Saccharomyces cerevisiae chromosome XII cosmid 9328	254	1914	D7S667- D7S2427
62	98.71	S.pombe chromosome I cosmid c13D6	226	608	
63	99.92	Rattus norvegicus RNA helicase with arginine-serine-rich domain	279	2674	D17S797- D17S788
64	98.71	Rattus norvegicus matrilysin (MMP-7) mRNA	235	326	
65	98.71	Rattus norvegicus Diphor-1	347	888	D1S2669- D1S498
66	98.71	Human herpesvirus-7 (HHV7) J1, G protein- coupled receptor (GCR)	202	202	
67	98.71	Homolog zu Human synapsin I (SYN1)	325	1225	
68	98.78	Homolog zu Human PAX3 gene	286	1093	
69	98.71	Homolog zu Human multiple exostosis 2 (EXT2)	305	309	
70	98.71	Homolog zu Homo sapiens integrin variant beta4E (ITGB4)	378	380	
71	98.71	Homolog zu Homo sapiens hCPE-R mRNA for CPE-receptor	235	1253	
72	99.92	Homolog zu H:sapiens mRNA for deoxyguanosine kinase	309	439	
73	98.71	Caenorhabditis elegans cosmid Y48E1B	255	1252	D4S1619- D4S1500
74	99.85	Caenorhabditis elegans cosmid T21D12	313	695	
75	98.71	Caenorhabditis elegans cosmid R107	262	2514	D13S201 D13S293
76	99.98	Caenorhabditis elegans cosmid M04C9	273	274	
77	98.71	Bovine opsin	325	449	
78	99.85	unbekannt	313	346	
79	99.85	unbekannt	241	1329	
80	99.85	unbekannt	152	805	
81	98.71	unbekannt	238	420	

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe	Homolog zu / Identisch mit	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
82	98.71	unbekannt	329	2143	D9S264-D9S257
83	98.71	unbekannt	347	450	
84	98.71	unbekannt	206	408	
85	99.85	unbekannt	276	311	
86	99.85	unbekannt	371	487	
87	96.43	unbekannt	169	1902	
88	96.43	unbekannt	268	1048	D11S1765-D11S913
89	99.85	unbekannt	264	804	
90	98.71	unbekannt	235	581	
91	98.71	unbekannt	201	2042	
92	99.85	unbekannt	328	430	
93	98.71	unbekannt	273	592	
94	98.71	unbekannt	290	674	
95	98.71	unbekannt	153	324	
96	98.71	unbekannt	279	709	
97	99.85	unbekannt	249	562	
98	98.71	unbekannt	406	1948	
99	99.85	unbekannt	302	483	
100	98.71	unbekannt	274	437	
101	99.85	unbekannt	359	359	
102	98.71	unbekannt	210	501	
103	98.71	unbekannt	269	1102	
104	98.71	unbekannt	253	306	
105	98.71	unbekannt	322	2042	
106	98.71	unbekannt	216	320	
107	96.43	unbekannt	321	506	
108	96.43	unbekannt	377	1276	
109	99.85	unbekannt	372	373	
110	99.85	unbekannt	347	492	
111	99.85	unbekannt	194	1678	D6S278-D6S362
112	98.71	unbekannt	342	866	D9S1841-D9S195

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe	Homolog zu / Identisch mit	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
113	96.43	unbekannt	265	1434	D18S1124-D18S468
114	99.92	unbekannt	319	914	D7S686-D7S530
115	98.71	unbekannt	149	685	D8S1821-D8S255
116	96.43	unbekannt	246	2646	
117	96.43	unbekannt	327	2667	
118	98.71	unbekannt	330	544	
119	96.43	unbekannt	238	1340	D18S471-D18S464
120	98.71	unbekannt	298	2376	
121	98.71	unbekannt	225	225	
122	98.71	unbekannt	345	1967	D6S292-D6S1699
123	99.85	unbekannt	288	612	
124	96.43	unbekannt	338	1183	D2S315-D2S2237
125	93.39	unbekannt	280	891	D1S472-D1S2743
126	98.71	unbekannt	261	482	
127	96.41	Human triosephosphate isomerase mRNA	260	610	
128	93.39	Human ras inhibitor mRNA	260	2072	
129	98.71	Human R kappa B	222	980	
130	98.71	Human putative interferon-related protein (SM15)	193	792	
131	96.43	Human protein trafficking protein (S31iii125)	333	1092	
132	98.71	Human protein kinase C-binding protein RACK7	246	1523	
133	99.21	Human gene for histone H1(0)	277	2241	
134	96.43	Human cathepsin B proteinase	204	631	
135	100.00	Homo sapiens cathepsin B mRNA	356	980	
136	96.43	unbekannt	283	2238	
137	98.71	H.sapiens XG mRNA	267	398	
138	98.71	H.sapiens mRNA for RAB7 protein	225	1084	
139	98.71	H.sapiens mRNA for pyrroline 5-carboxylate synthetase	250	1259	
140	98.71	H.sapiens mRNA for beta-1,4-galactosyltransferase	292	1938	
141	96.43	H.sapiens IL-13Ra	258	1874	

DE 198 17 948 A 1

TABELLE II

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5	1	142
		143
10		144
	2	145
15		146
		147
	3	148
20		149
		150
	4	151
25		152
		153
	5	154
30		155
		156
	6	157
35		158
		159
	7	160
40		161
		162
	8	163
45		164
		165
	9	166
50		167
		168
	10	169
55		170
		171
	11	172
60		173
		174
65	12	175

DE 198 17 948 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptic-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
12	176	5
	177	
13	178	10
	179	
	180	
14	181	15
	182	
	183	
15	184	20
	185	
	186	
	187	25
16	188	
	189	
	190	30
17	191	
	192	
	193	35
18	194	
	195	
	196	40
19	197	
	198	
	199	45
20	200	
	201	
	202	50
21	203	
	204	
22	205	55
	206	
	207	
23	208	60
	209	
	210	65
24	211	

DE 198 17 948 A 1

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5	24	212
		213
10	25	214
		215
		216
15	26	217
		218
		219
20	27	220
		221
		222
25	28	223
		224
		225
30	29	226
		227
		228
35	30	229
		230
		231
40	31	232
		233
		234
45	32	235
		236
		237
50	33	238
		239
		240
55	34	241
		242
		243
60	35	244
		245
		246
65	36	247

DE 198 17 948 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
36	248	5
	249	
37	250	10
	251	
	252	
38	253	15
	254	
	255	
39	256	20
	257	
	258	
40	259	25
	260	
	261	
41	262	30
	263	
	264	
42	265	35
	266	
	267	
43	268	40
	269	
	270	
44	271	45
	272	
	273	
45	274	50
	275	
	276	
46	277	55
	278	
	279	
47	280	60
	281	
	282	
48	283	65

DE 198 17 948 A 1

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5	48	284
		285
10	49	286
		287
		288
15	50	289
		290
		291
20		292
	51	293
		294
25		295
	52	296
		297
30		298
	53	299
		300
35		301
	54	302
		303
40		304
	55	305
		306
45		307
	56	308
		309
50		310
	57	311
		312
55		313
	58	314
		315
60		316
	59	317
65		318
		319

DE 198 17 948 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
60	320	5
	321	
	322	10
61	323	
	324	
	325	15
62	326	
	327	
	328	20
63	329	
	330	
	331	25
64	332	
	333	
	334	30
	335	
65	336	
	337	35
	338	
66	339	
	340	40
	341	
67	342	
	343	45
	344	
68	345	
	346	50
	347	
69	348	
	349	55
	350	
70	351	
	352	60
	353	
71	354	
	355	65

DE 198 17 948 A 1

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5	71	356
	72	357
10		358
		359
		360
15	73	361
		362
		363
20	74	364
		365
		366
25	75	367
		368
		369
30	76	370
		371
		372
35	77	373
		374
		375
40	78	376
		377
		378
45	79	379
		380
		380
50		381
	80	382
		383
55		384
	81	385
		386
60		387
	82	388
		389
65		390

DE 198 17 948 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
83	391	5
	392	
	393	10
84	394	
	395	
85	396	15
	397	
	398	
86	399	20
	400	
	401	
	402	25
87	403	
	404	
	405	30
	406	
88	407	
	408	35
	409	
89	410	40
	411	
	412	
90	413	45
	414	
	415	
91	416	50
	417	
	418	
92	419	55
	420	
	421	
	422	60
93	423	
	424	
	425	65
94	426	

DE 198 17 948 A 1

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5	94	427
		428
10	95	429
		430
		431
15		432
	96	433
		434
20		435
	97	436
		437
25		438
	98	439
		440
30		441
	99	442
		443
35		444
	100	445
		446
40		447
	101	448
		449
45		450
	102	451
		452
50		453
	103	454
		455
55		456
	104	457
		458
60		459
		460
65	105	461
		462

DE 198 17 948 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
105	463	5
106	464	
	465	10
107	466	
	467	
	468	15
	469	
108	470	
	471	20
	472	
109	473	
	474	25
	475	
110	476	
	477	30
	478	
111	479	
	480	35
	481	
112	482	
	483	40
	484	
	485	
113	486	45
	487	
	488	
114	489	50
	490	
	491	
115	492	55
	493	
	494	
	495	60
116	496	
	497	
	498	65

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5	117	499
		500
		501
10	118	502
		503
		504
15	119	505
		506
		507
20	120	508
		509
25		510
	121	511
		512
30		513
	122	514
		515
35		516
	123	517
		518
40		519
	124	520
		521
45		522
	125	523
		524
50		525
	126	526
		527
55		528

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 142 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

65

DE 198 17 948 A 1

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1673
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterustumorgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 142

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1234 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1046 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

tcggaacgag ggatcactaa tcaacaaacc agctttcggg gtctgacgcg atccttgcct 60
caggcctctc gaggtccaga cagccgccca gccgcctctg cgacgcagca gtgaatagt 120
tggtacctcc ttgtctcggg tcagggtccag acctccccgt cttccggctg ccctgaacgt 180
caggcgacct caggacctg tgattggcgc ctgcgcgggc ggaccgtgac cgaggaaacc 240
cctggaggga cttgggcatt ccttgggctc cgtgcctgtt cttcgtgctc ctttcggggc 300
aaggatctca cattatcagt ctttgaccga cacagaatgc ctggcatttg ataatgttt 360
gttgaacttg aagagacata tggacaatga atctgcaaag atactgggga gagataccaa 420
tatcatcaag ccagaccaac agaagttoct tcgatttgct cccacgggag ttccgtctgg 480
tggaagtcca tgacccaccc ctgcaccaac cctcagccaa caagccgaag cccccacta 540
tgctggacat cccctcagag ccattgagtc tcaccatcca tacgattcag ttgattcagc 600
acaaccgacg tcttcgcaac cttattgcca cagctcaggc ccagaatcag cagcagacag 660
aaggtgtaaa aactgaagag agtgaacctc ttccctcgtg ccctgggtca cctcctctcc 720
ctgatgacct cctgccttta gattgtaaga atcccaatgc accattccag atccggcaca 780
gtgaccacga gaggacttt tatcgtggga aaggggaacc tgtgactgaa ctgagctggc 840
actcctgtgc gcagctctc taccaaggca gtggcacaaa tcctggccaa cggcgggcctt 900
ttgactgtgc taatgagagt gtcctggaag accctaactt gatgttgga catgagtatt 960
ggccttaaaag tttaacaaag tttgtgcgt ttttgcgtt gagcgggaag cccgggtggg 1020
agagacttcc ttttgccgaa tgtgat 1046

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 373 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```
cgaaggcaga gttcaacagg gatcttttgt aaatgttcaa caagggccac aggagccatt 60
tattgaattt atccatcagt taacccaggc aattaagagc acacatggaa catcgaccat120
tccacgggta tctcgtataa cctcaagga caagccatag tggaacgttg cccattccac180
gcttaaaaat atgcttttaa aaaaggggga atatgaataa ggaccctaca acactactag240
cacaagtgtt attcaccctt aatttcttaa atttagataa ttaaatttcc aatcagccct300
agaaaagcac ttttgcttaa aacctcccca ggtagcaagg ctttcagtggt tttgggaagg360
tgtaaatagt atc                                     373
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1571 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

```
ctgctctggc aaccaataga agctaggaga gggcggggac aactgggtct tttgcggctg 60
cagcggggct gtaggtgtcc ggccttgctg gccagcaag cctgataagc atgaagctct 120
tatctttggg ggctgtgggc ggggttttgc tgggtccccc agctgaagcc aacaagagtt 180
ctgaagataa ccggtgcaaa tgcatctgtc caccttatag aaacatcagt gggcacattt 240
acaaccagaa tgtatcccag aaggactgca actgcctgca cgtggtggag cccatgccag 300
tgccctggcca tgacgtggag gctactgcc tgctgtgcga gtgcaggtag gaggagcgca 360
gaccaccacc atcaaggtca tcatgtcat ctacctgtcc gtggtgggtg ccctgttgc 420
ctacatggcc ttctgatgc tgggtgaccc tctgatccga aagccggatg catacactga 480
gcaactgcac aatgaggagg agaagagga tgctcgctct atggcagcag ctgctgcatc 540
cctcggggga ccccgagcaa acacagtcct ggagcgtgtg gaaggtgccc agcagcggtg 600
gaagctgcag gtgcaggagc agcgggaagac agtcttcgat cggcacaaga tgctcagcta 660
gatgggctgg tgtggttggg tcaaggcccc aacaccatgg ctgccagctt ccaggctgga 720
```

DE 198 17 948 A 1

```

caaagcaggg ggctacttct cccctccctc ggttccagtc ttccctttaa aagcctgtgg 780
catttttctt ccttctccct aacttttagaa atgttgtagt tggctatttt gattagggaa 840
gagggatgtg gtctctgacg tccgttggtc tcttgggtct ttgggggttg agggaggggg 900
5 aaggcaggcc agaagggaat ggagacattc gagggggcct caggagtggg tgcgatctgt 960
ctctctgtgc tccactcttg ccgccttcca gctctgagtc ttgggaatgt tgttaccctt 1020
ggaagataaa gctgggtctt caggaactca ggtcttgagg gaaagcatg gccagcattt 1080
cagcatgtgt tcccttctgc agtggttctt tatcaccacc tccctcccag cccagcgcc 1140
tcagccccag cccagctcc agcctgagg acagctctga tgggagagct gggccccctg 1200
10 agcccactgg gtcttcaggg tgcaactggaa gctgggtgtc gctgtcccct gtgcacttct 1260
cgcaactggg catggagtgc ccatgcatac tctgctgccg gtcccctcac ctgcacttga 1320
ggggtctggg cagtccttcc tctcccagc gtccacagtc actgagccag acggtcggtt 1380
ggaacatgag actcgaggct gagcgtggat ctgaacacca cagcccctgt acttgggttg 1440
15 cctcttgtcc ctgaacttcg ttgtaccagt gcatggagag aaaattttgt cctcttgtct 1500
tagagtgtg tgtaaatcaa ggaagccatc attaatgtt tttatttctc tccaaaaaaa 1560
aaaaaaaaa a 1571

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

- (A) LÄNGE: 1789 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```

50 agaccatgct ggaaaaaatt ccaaaggaag agcaagaaga gacgtctgca attcgagtgg 60
gttttatcac atatacaaaa gttctccatt tctttaatgt gaagagtaat ctggcccagc 120
ctcagatgat gggggtgact gatgttgagg aagcttttgt tcccttgttg gatgggttcc 180
ttgtcaacta tcaagaatcc caatctgtga ttcataattt gttggaccag attccagaca 240
tgtttgaga ctctaataaa aatgagactg tctttgtctc tgtcatccag gctggcatgg 300
aagcactaaa ggcagcagac tgcctggga agctgttcat cttccattct tccctggcaa 360
ctgctgaagc accagggaag ctcaaaaaa gagatgacaa aaaactggtt aatacagaca 420
aagagaagat acttttccag ccccaaacaa atgtctatga ctcatggcc aaggactgag 480
tggtcaccg gctgctctgt gacactcttc ctcttttcta gtcagtatgt ggacgtggcc 540
60 tgcgtggggc tgggttctca gtcactgga ggaacccttt acaaatacaa caatttccag 600
atgcacttgg atagacaaca atttttgaac gacctcagaa atgatattga aaagaaaaa 660
ggctttgatg ctattatgag ggttcgtacc agcacagggt tcagagccac tgatttcttt 720
ggtggaatct tgatgaacaa caccaccgat gtagaaatgg ctgccatcga ttgtgacaag 780
gcagtgaccg tggagttcaa gcacgatgac aaactcagtg aagacagtgg agcctaatc 840
65 cagtgtgctg tgctttacac gacaatcagt ggtcaaagaa gacttcggat tcacaatctt 900
ggcttaaaact gcagctctca gctagctgat ctttataaga gctgtgagac agatgctctt 960
atcaacttct ttgccaagtc agctttttaa accagccttt gaaggtcatc 1020
cgggaaatcc tagttaatca gactgcccac atgttgccat gttaccggaa gaattgtgca 1080

```

DE 198 17 948 A 1

```

agtccttctg cagcaagcca gcttattcta ccagattcca tgaaglatt gggagtgtacl140
atgaattgct tgttgaaaaa ctgtgtacta ctcagcagac cagagatctc aactgatgaal200
cgagcatacc agagacagct ggtcatgacc atgggtgtgg ctgactctca gcttttcttc1260
taccacacaac ttctgcccac acacacgtta gatgtcaaga gtacaatgtt acctgctgcc1320
gttcgttgct ctgagtcctg tctttcagaa gaaggaatat tcttactggc taatgggtctal380
cacatgttcc tgtggttggg agtaagcagc ccaccagaac tgatccaagg aatatttaatl440
gtgccatctt ttgcacatat caacacagat atgacattgc tgccctgaagt gggaaacccal500
tactctcaac aactcagaat gataatgggt attatccaac aaaagaggcc atattcaatg1560
aagctcaca tttgtaaagca gcgagaacaa ccagaaatgg ttttccgaca gttcctggta1620
gaagacaaaag gactttacgg aggtctttct tatgtggatt tcctttgttg tgttcacaag1680
gagatctgtc agctgcttaa ttaattggaa actccccggg caatggaggt tgcgttgcca1740
gggggggaaa agcccctttt tggggcccaa atttgccagg gggaaaaag 1789

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2361 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```

gggccagccg gctcgcccg gggccatggc agcagcggct actgcagccg aggggggtccc 60
cagtcggggg cctcccgggg aagtcaccca tctgaatgtg ggaggcaaga gattcagta 120
ctctcgccag actctcacct ggatcccaga ctctctcttc tccagtcttc tgagcggagc 180
catctcgacg ctgaaaagatg agaccggagc aatcttcatc gacagggacc ctacagtctt 240
cgccccatc ctcaacttcc tgcgcaccaa agagttggat cccaggggtg tccacgggtc 300
cagcctcctc catgaagccc agttctatgg gctcactcct ctgggttcgtc gectgcagct 360
tcgagaggag ttggatcgat ctctctgttg aaacgtcctc ttcaatggtt acctgccgc 420
accagtgttc ccagtgaagc ggcggaaccg gcacagccta gtggggcctc agcagctagg 480
aggacggcca gcccctgtcc gacggagcaa cagcatgccc cccaaccttg gcaatgcagg 540
gctgctgggc cgaatgctgg atgagaaaac cctccctca cctcaggac aacctgagga 600
gcccgggatg gtgcgcctgg tgtgtggaca ccataattgg atcgctgttg cctataccca 660
gtttctagtc tgctacaggt tgaagggaagc ctctggcggg cagctggtgt tttccagccc 720
ccgcctggac tggcccatgc gaacgactgg cgcttcacag cccgggtgca tgggtgggct 780
ttgggtgaac atgacaagat ggtggcagca gccaccggca gcgagatcct gctatgggct 840
ctgcaggcgg aaggcgggtg ctccgagata ggggtctttc atctgggggt gcctgtggag 900
gccttgttct tcgtcgggaa ccagctcatt gctacaagcc acacaggcg catcggggtg 960
tggaatgccg tcaccaagca ctggcaggtc caggaggtgc agcccatcac cagttatgac1020
gcccagagct ccttctcct cctgggctgc aacaacggct ccatttacta cgtggatgtg1080
cagaagttcc ccttgccat gaaagacaac gacctccttg tcagcgagct ctatcgggac1140
ccagcggagg atggggtcac cgccctcagt gtctacctca ccccaagac cagtgcagct1200
gggaactgga tcgagatcgc ctatggcacc agctcagggg gcgtgcgggt catcgtgcag1260

```

DE 198 17 948 A 1

```

caccgaggaga ctgtgggctc ggggcctcag ctcttccaga ccttcactgt gcaccgcagc1320
cctgtcacca agatcatgct gtcggagaag cacctcatct cagtctgtgc cgacaacaac1380
cacgtgcgga catggtctgt gactcgcttc cgcggcatga ttccacca gcccggtcc1440
5 accccactcg ctccctttaa gatcctggct ctggagtcgg cagatgggca tggcggtgc1500
agtgtggga atgacattgg cccctacggg gagcgggacg accagcaagt gttcatccag1560
aaggtggtgc ccagtgccag ccagctcttc gtgcgtctct catctactgg gcagcggtg1620
tgctccgtgc gctccgtgga cggctcacc acgacagcct tcacagtgtc ggagtgcgag1680
ggctcccggc ggctcggctc tcggccccgg cgctacctgc tcaactggcca ggccaacggc1740
10 agcttgggca tgtgggacct aaccacggcc atggacggcc tcggccagge ccctgcaggt1800
ggcctgacgg agcaagagct gatggaacag ctggaacact gtgagctggc cccgcccgt1860
ccttcagctc cctcatgggg ctgtctcccc agccctcac ccgcacttc cctcaccagc1920
ctccactcag cctccagcaa cactccttg tctggccacc gtgggagccc aagcccccg1980
caggctgagg cccggcgccg tgggtggggc agctttgtgg aacgtgcca ggaactggtg2040
15 cggagtgggc cagacctccg acggccaccc acaccagccc cgtggccctc cagcggtctc2100
ggcactcccc tcacacctcc caagatgaag ctcaatgaaa ctctcttttg aacaacgcag2160
ctgccatgat gcttgggat gccctgggctc tgggggactc aggtgcctcc ctgattcctg2220
tgggaacccc ggggttcaggg ccaggcgctc cttggaataa atggttattg ttactaggtc2280
20 cccaccttcc ctcttttctg gaagccaaag tcacctccc caataaagtc ctactgcca2340
aaaaaaaaa aaaaaaac g
2361

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1638 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

```

55 ggctgcggat ttgcgcggaa atcccggaa tgacagcttt gggggtttgc tgctggctct 60
gactcccgct ctgcgatggg ttgcgacggg ggaacaatcc ccaagaggca tgaactggtg 120
aaggggccga agaaggttga gaaggtcgac aaagatgctg aattagtggc ccaatggaac 180
tattgtactc taagtcagga aatattaaga cgaccaatag ttgcctgtga acttggcaga 240
ctttataaca aagatgccgt cattgaattt ctcttgga aatctgcaga aaaggctctt 300
60 gggaaggcag catctcacat taaaagcatt aagaatgtga cagagctgaa gctttctgat 360
aatcctgcct gggaagggga taaaggaaac actaaagggtg acaagcacga tgacctccag 420
cggcgcggtt tcatctgccc cgttgtgggc ctggagatga acggccgaca caggttctgc 480
ttccttcggg gctgcggctg tgtgttttct gagcagcctc tgaaagagat aaaagcgaa 540
gtttgccaca cgtgtggggc tgccttcag gaggatgatg tcatcgtgct caatggcacc 600
65 aaggaggatg tggacgtgct gaagacaagg atggaggaga gaaggctgag agcgaattgg 660
aaaagaaaac aaagaaaccc aaggcagcag agtctgttcc aaaaccagat gtcagtgaag 720
aagccccagg gccatcaaaa gttaagacag ggaagcctga agaagccagc cttgattcta 780
gagagaagaa aaccaacttg gctcccaaaa gcacagcaat gaatgagagc tcttctggaa 840

```

DE 198 17 948 A 1

```

aagctgggaa gcctccgtgt ggagccacaa agaggtccat cgctgacagt gaayaatcgg 900
aggcctacaa gtccctcttt accactcaca gctccgccaa gcgctccaag gaggagtctg 960
cccactgggt caccacacag tctactgct tctgaagccc gcactgccac cgctcctgcc1020
ccagaagggt gtttagtttc cacgtaggca ggtcgctttg tgctctgag tgcgtgctg1080
tgtgttctct ctatagttct gtgtcataaa gctgtcctgg ccagccttca agctggtgtg1140
gccactcttg atgtgaggcg tgcggttcc aggggggaca tgggaggggc tgcacagtgg1200
cccagagtca tgcttgcttc cacctgcagg tgcatttggg cctttccatg gccaggaagc1260
cctgtgggct gcacttttta tgcttgagcgt aacaagagac tccagagtc ccaccggtgc1320
agagtggca catattaatt aactaaaatt ctaatgatct tgctaccagc aataaatcaa1380
gtaggccaag tgaaactggg ctttaaaaag gatggatttc aaatacactg tgccactag1440
aagcttcgaa gggcctcgtc cctctgctac agccctggga ggagccagga tccttgttg1500
tctagctaaa tactgttagg ggagtgtgcc ccactcctc atttcgaaga tagcagagtc1560
atagtgggc acccggtgat tgggttcaaa aataaagctg gtctgcctct tcaaaaaaaa1620
aaaaaaaaa aaaaaaaa 1638

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1034 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

```

cgctgctgctg ctgagtgcgt gccgctccgc cgaccgaaga gcttgacat gacaccagtg 60
gcatatcacg gccatgggggt ctcagcattc cgctgctgct cgccctcct cctgcaggcg 120
aaagcaagaa gatgacaggg acggtttgct ggctgaacga gacaggaag aagccattgc 180
tcagttccca tatgtggaat tcaccgggag agatagcatc acctgtctca cgtgccaggg 240
gacaggctac attccaacag agcaagttaa tgagttgggt gctttgatcc cacacagtga 300
tcagagattg cgccctcagc gaactaagca atatgtcttc ctgtccatcc tgctttgtct 360
cctggcatct ggtttgggtg ttttcttct gtttccgcat tcagtccttg tggatgatga 420
cggcatcaaa gtggtgaaa tgacatttaa taagcaagac tcctttgtaa ttctcaccat 480
catggccacc ctgaaaatca ggaactccaa cttctacagc gtggcagtga ccagcctgtc 540
cagccagatt cagtcacatga acacagtggg gaattttacc ggggaaggccg agatgggagg 600
accgttttcc tatgtgtact tcttctgcac ggtacctgag atcctgggtgc acaacatagt 660
gatcttcatg cgaacttcag tgaagatttc atacattggc ctcatgacct agagctcctt 720
ggagacacat cactatgtgg attgtggagg aaattccaca gctatttaac aactgctatt 780
ggttcttcca cacagcgct gtagaagaga gcacagcata tgttccaag gcctgagttc 840
tgggacctac cccacgtgg gtgttaaggc agaggggaagg aattgggtca ctttaacttc 900
ccaggcaaac attcctcctg gccacttagg gagggaaaca ccttccctat gggttaccat 960
ttgttgtttg ttcaggaacc aggcggattc agttgcctag gcgtgttgcc ccagcaatta1020
gtttgggcat tgca 1034

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 947 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
 15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 25 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

```

35 cgaggccctg gcatgtgcaa agagtactga gtgggattcc cagcaggata ccatcaagta 60
ctacaccatg cacctgacca cattgtgcaa cactgtattg gacaacccaa cccagagaaa120
caaggatcag ctgatccggg cagccgtgaa gtttctggac accgacacca tctgctacag180
ggtggaggag cccgagacat tagtggaact tcaaaggaat gagtgggatc caatcatcga240
atgggctgag aaaagatacg gcgtggagat cagctcctcc accagcataa tgggaccag300
catccctgcc aaaactcggg aggtgctcgt cagccacctg gcatcttaca acacatgggc360
40 tttaaaaggg attgagtttg tagctgcca gctcaagtcc atgggtgctaa ccttgggcct420
gattgacctg cgcctgacag tggagcaggc cgtgctgctg tcacgcctgg aggaggagta480
ccagatccag aagtggggca acattgagtg ggcccatgac tatgagctgc aggagctgcg540
ggcccgacac gccgcggca cctcttcat ccatctctgc tccgagagca ccacagtcaa600
45 gcacaagctc ctgaaggagt gaggcctggg cagagcacac tcagcaggat agaggcagtg660
cagccacagc tcccccgcc ttcagggtc cccagcctgt ggggctggct tccttggctt720
ttggggactc ggcctcagcg tcaccctgag attcccccg agacacagtg cgctagtacg780
gctgtccgga ggtcagcctg atttcaaccc aggtgcccct ggccctggcca gcagtgaatg840
taggagatga attgtgcaag tgactttctc tcgactctga ttttattaaa tatttctcca900
50 cctgtgaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 947

```

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 497 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 60 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
 65

DE 198 17 948 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```
ctcgtggcga gagactgaga taaaagagca actcactgaa cacctttgta cgatcataca 60
gcaaaatgag ctccgaaagg ccaagaagtt ggaggagttg atgcaacaac tagatgtaga120
agccgatgaa gagactttgg agcttgaggt ggaggtcgag agattgctac acgaacaaga180
agtagaatca aggagaccag tggttcgttt agagaggcca tttcagcctg cggaggagag240
tgtgacatta gaatttgcta aagagaacag aaagtgtcaa gaacaagctg tttcccaaaa300
ggtagatgac cagtgtggaa attccagtag catccccttt cttagtccaa actgccccaa360
tcaagaaggt aatgacattt cagctgcttt ggccacatga agttctggta ttcttttgag420
ctaatatggt attgagtaaa gtatactttt tgcagtagat catgccctga cctccaataa480
aaacctcttt aaaacaa 497
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 269 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```
cggggagagg tgggctgggc tgcaggctct ggcgttgtgc tggatcatcg cgcccgtact 60
ctgaagtttt ctccgtggcg ctcccttgaga ggggttcctc ctgcatcttg agaattttt120
gcatttcggc tcccttctct tctcgtctgc atcggatgcc ccaaataggt cctgtcccct180
cggtgaaatca gacttcggaa accgcctcgc ttcagggtca gagtccaagt acagatgagc240
ttgagaggga ttctgaaatg caacggccc 269
```


(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1717 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```

attctaggac caacactcct gtggagacgt ggaaagggttc caaaggcaaa cagtcctata 60
35 cctacatcat tgaggagaac actaccacga gcttcacctg ggccctccag aggaccactt 120
ttcatgaggc aagcaggaag tacaccaatg acgttgccaa gatctactcc atcaatgtca 180
ccaatgttat gaatggcgtg gcctcctact gccgtccctg tgccctagaa gcctctgatg 240
tgggtcctct ctgcacctct tgtcctgctg gttactatat tgaccgagat tcaggaacct 300
gccactcctg ccccctaac acaattctga aagcccacca gccttatggt gtccaggcct 360
40 gtgtgccctg tgggtccagg accaagaaca acaagatcca ctctctgtgc tacaatgatt 420
gcaccttctc acgcaacact ccaaccagga ctttcaacta caacttctcc gctttggcaa 480
acaccgtcac tcttgctgga gggccaagct tcacttccaa agggttgaaa tacttccatc 540
actttaccct cagtctctgt ggaaaccagg gtaggaaaa gtctgtgtgc accgacaatg 600
tcactgacct ccggattcct gaggtgagt cagggttctc caaatctatc acagcctacg 660
45 tctgccaggc agtcatcatc cccccagg tgacaggcta caaggccggg gtttcctcac 720
agcctgtcag ccttgctgat cgacttattg ggggtgacaac agatatgact ctggatggaa 780
tcacctcccc agctgaactt ttccacctgg agtccctggg aataccggac gtgatcttct 840
tttataggtc caatgatgtg acccagtcct gcagttctgg gagatcaacc accatccgcg 900
tcaggtgcag tccacagaaa actgtccctg gaagtgtgt gctgccagga acgtgctcag 960
50 atgggacctg tgatggctgc aacttccact tctgtggga gagcgcggct gcttgcccg1020
tctgctcagt ggctgactac catgctatcg tcagcagctg tgtggctggg atccagaaga1080
ctacttacgt gtggcgagaa cccaagctat gctctggtgg catttctctg cctgagcaga1140
gagtcaccat ctgcaaaaacc atagatttct ggctgaaagt gggcatctct gcaggcacct1200
55 gtactgccat cctgctcacc gtcttgacct gctacttttg gaaaaagaat caaaaactag1260
agtacaagta ctccaagctg gtgatgaatg ctactctcaa ggactgtgac ctgccagcag1320
ctgacagctg cggcatcatg gaaggcgagg atgtagagga cgacctcatc ttaccagcal380
agaagtcact ctttggaag atcaaatcat ttacctcaa gaggactcct gatggatttg1440
actcagtgcc gctgaagaca tctcaggag gccagacat ggacctgtga gaggactgc1500
60 ctgctcacc tgcctcctca ccttgcatag cacctttgca agcctgcggc gatttggtg1560
ccagcatcct gcaacacca ctgctgaaa tctcttcatt gtggccttat cagatgttg1620
aatttcagat ctttttttat agagtacca aacctcctt tctgcttgcc tcaaacctgc1680
caaataatac cacactttgt ttgtaatta aaaaaaa 1717

```

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

DE 198 17 948 A 1

- (A) LÄNGE: 1419 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

20

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12

```

ggcagaggta ttacctgaaa acttaaaaga aggcctgaag gaattctcct ggagttcatt 60
accatgtact aaaaacagac cttttgattt tcattcagtg atggaagagt ctcagtctct 120
caatgaacct agcccaaagc agagtgaaga aataccagag gtcacttcag agcctgtcaa 180
aggaagctta aaccgtgctc agtcagcaca gtctataaat tcaacagaaa tgcctgccag 240
agaggactgt ttgaaaaaag agtgcctcca gaacctgttc tgtcagttca agaaaaaggt 300
gttctgctga aaagaaagtt gtctctttta gaacaggatg tgattgtaaa tgaagatgga 360
agaaataagc tgaaaaaaca aggagaaact cccaatgaag tctgtatgtt ttccttagct 420
tatggtgata ttccagaaga attaatcgat gtctcagatt tcgagtgttc tctctgcatg 480
aggttgtttt ttgagccagt aacaaccctt tgcggacatt cgttctgtaa gaattgtctt 540
gagcgtttgt tagatcatgc accatattgt cctctttgca aagaaagctt aaaagagtat 600
ctagcagata ggaggtagtg tgtcacacag ctggttgaag gaattaatag tgaagtatct 660
gcctgatgaa ctgtctgaga gaaaaaaaat atatgatgaa gaaactgctg aactctcaca 720
cttgaccaag aatgttccaa tatttgtttg cactatggcc taccctactg tgccttgccc 780
tctccatgta tttgagccaa gatacagatt gatgattcga agaagtatac agactggaac 840
caaacagttt ggcattgtgt tcagtgatac acaaaatagt tttgcagatt atggttgtat 900
gttacaaatt agaaacgtgc atttcttacc ggacggaagg tctgtggttg atacagtgg 960
aggaagcgg ttaggggttt taaaaagagg aatgaaagat ggatattgca ctgccgacat1020
tgaatatctg gaagatgta aggttgagaa tgaagatgag attaagaatc tcagagagct1080
tcatgatttg gtttactctc aagcctgcag ctggtttcag aatttaagag acagatttcg1140
aagccaaatt cttcagcatt tcggatcaat gcccgagagg agggaaaacc ttcaggcagc1200
ccctaattga cctgcatggt gttggtggct tcttgacgti ctccctgtag acccagcata1260
ccagctgtcg gttttgtcaa tgaagtcttt gaaagaacgg ttgaccaaga tacagcata1320
actgacotat ttttctagag accaattcta agtaactaac tctttgggat cttccctttg1380
aaagttgacc cctaattctt ggctgccat ttggttggg 1419

```

55

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 671 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

60

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

20 agcgcggtga agcgggggtg ggatctgaac atggcggcgg tggtagctgc tacggcgctg 60
 aagggccggg gggcgagaaa tgcccgctc ctccggggga ttctcgagc agccacagct120
 aacaaggctt ctcataacag gaccggggcc ctgcaaagcc acagctcccc agagggcaag180
 gaggaacctg aacctctatc cccggagctg gaatacatc ccagaaagag gggcaagaac240
 cccatgaaa gctgtgggact ggcctgggccc atcggtctcc cttgtgggtat cctcctcttc300
 25 atcctcacca agcgggaagt ggacaaggac cgtgtgaagc agatgaaggc tcggcagaac360
 atgcggttgt ccaacacggg cgagtatgag agccagaggt tcagggtctc ctccagagt420
 gcccgcgtccc ctgatgttg gtctgggggtg cagacctgag gagcgctgcg accctcctag480
 gctattgact gttaagtcc caggtttggc ccagattcca gttcgtgcct ctgaggtcca540
 ccagagggcg catgaagccc aggtgtttgc caaacctac cctgccccac accaaggagc600
 30 ccaccaagg caaataaagt tattgagtgt ttagtagaaa ggaaaaaaa aaaaaaaaaa660
 aaaagtcgac c 671

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 524 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:14

65 aagtgttctc agatgctgat gtttgaagg tcccgggtgg gccatgagga agaagaggag 60
 ctgaaggtaa gagactcata aacaagatga ctctttgatg catgaacaag atttgaaaat120
 ctcaagcctg taaagaatac ccctgtatt taaataaagc tcataccaag aggtaacatt180
 ttgccccggg ccaatttcag gggcttagtg ccctgcattc ctttgaggca aaaaataaat240

DE 198 17 948 A 1

```

gggctatgac tgggttaaag tccaaaaggt gaattctcat ttatttccaa caaagacaga500
tttgcgcat cactcaagca gaatgtggcc atgaatattc agccctgca tacatacaaa360
gatgtacgca tgattcccc caccaagcac acacacagtc acacacgcac acacacacac420
atgcacacac gcgcgtgcac acacggacac atgcacacac acacgcacac gtaaacacat480
gcacacatgc acacacgtgc acacatgcac acacggacac actt 524

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 345 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```

aaactttctt tctacaaaa atcaaaagct tagctgatag atcatgaaaa tagattatga 60
acagtgaat tctgagaag gctgaaagt cggggaacca aagcagggga gattagcctt120
agtccggagg agggagaagc agatggaagt cagcagcctg ccttgTTTTT acgtgtaata180
tttaaatTTG caaattgTat tacaggagg cctactttct gtttttatca agagtTTTtc240
ttttgttcaa agacactggt tatgggaata ttttgaaagg gtaagaaacg ctgggtataaa300
aagggtgttc agattaattt tgaaggTcct tacggaacca gtccc 345

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1060 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```

ggcgggtccca ggcaggccca gaagctgggc agcctctgcc gggttccggg aaaaggagct 60
cctgctgcca ctgctcttcc ggagcctgca gcatggggcc cctgccgcgc accgtggagc 120
15 tcttctatga cgtgctgtcc ccctactcct ggctgggctt cgagatcctg tgccggatgc 180
agaatatctg gaacatcaac ctgcagttgc ggcccagcct cataacaggg atcatgaaag 240
acagtggaaa caagcctcca ggtctgtctc ccgcgaaagg actatacatg gcaaatgact 300
taaagctcct gagacacccat ctccagattc ccattccactt ccccaaggat ttcttgtctg 360
tgatgcttga aaaaggaagt ttgtctgcca tgcgtttcct caccgcctg aacttgagc 420
20 atccagagat gctggagaaa gcgtcccggg agctgtggat gcgctctgg tcaaggaaatg 480
aagacatcac cgagccgcag agcatcctgg cggctgcaga gaaggctggt atgtctgcag 540
aacaagccca gggacttctg gaaaagatcg caacgccaaa ggtgaagaac cagctcaagg 600
agaccactga ggcagcctgc agatacggag cctttgggct gccatcacc gtggcccatg 660
tgatggcca aaccacatg ttatttggct ctgaccggat ggagctgctg gcgcacctgc 720
25 tgggagagaa gtggatgggc cctatacctc cagccgtgaa tgccagactt taagattgcc 780
cggaggaagc aaactcttcg tataaaaaaa gcaggccatc tgcttaacct ttggctccac 840
cataaggcac tgggactcgg atttctctat ctgatagagg tattttctgt ggccctggga 900
gctgtctgtc ttccccctac ccccaaggat gccaggaaga cgtccaccat tagccatgtg 960
30 gcaaccttta cttctatgcc tcacaagtgc ctttcagaga gccccaattc tgctttccca 1020
caaaataaac ctaatgccat caggcaaaaa aaaaaaaaaa 1060

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1721 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

```

ctctctctct ttctgtctct tctctgctcc ctctctttct ctctccctc tgccttccca 60
65 gtgcataaag tctctgtcgc tcccggaaat tgttggaat gcctattttt tggttttccc 120
ccgcgttctc taaactaact atttaaaggc ctgcggctgc aaatggtttg actaaacgta 180
ggatgggact taagttgaac ggcagatata ttctactgat cctcgcggtg caaatagcgt 240
atctgggtga ggccgtgaga gcagcgggca agtgcgatgc ggtcttcaag ggcttttccg 300

```

DE 198 17 948 A 1

actgtttgct caagctgggc gacacatggc caactaccgg caggcctgga cgaacagag 360
aacatcaaga ccgtgtgcac atactgggag gatttccaca gctgcacggt cacagcctt 420
acggattgcc aggaaggggc gaaagatatg tgggataaac tgagaaaaga atccaaaaac 480
ctcaacatcc aaggcagctt attcgaactc tgcggcagcg gcaacggggc ggcgggggtcc 540
ctgctcccggt cgttcccggt gctcctggtg tctctctcgg cagcttttagc gacctggctt 600
tccttctgag cgtggggcca gctcccccg cgcggccacc cacactcact ccatgctccc 660
ggaaatcgag aggaagatcc attagtctt tggggacgtt gtgattctct gtgatgctga 720
aaacactcat ataggattgt gggaatcct gattctctt tttatttctt ttgatttctt 780
gtgttttatt tgccaaatgt taccaatcag tgagcaagca agcacagcca aaatcggacc 840
tcagcttttag tccgtcttca cacacaaata agaaaacggc aaaccacccc cattttttaa 900
ttttattatt attaatttt tttgttgcca aaagaatctc aggaacggcc ctgggccacc 960
tactatatta atcatgctag taacatgaaa aatgatgggc tctctctaata aggaagcgga 1020
ggagaggaga aggccagggg aatgaattca agagagatgt ccacggacga aacatacgggt 1080
gaataattca cgtcacgctc gttcttccac agtatcttgt tttgatcatt tccactgcac 1140
atttctctc aagaaaagcg aaaggacaga ctgttggtt tgtgtttgga ggataggagg 1200
gagagaggga aggggctgag gaaatctctg gggttaagagt aaaggcttcc agaagacatg 1260
ctgctatggt cactgagggg tttagctttat ctgctgttgt tgatgcaccc gtccaagtct 1320
actgccttta ttttccctcc tccctcttgt tttagctgtt acacacacag taatacctga 1380
atatccaacg gtatagatca caaggggggg atgttaaatg ttaactctaaa atatagctaa 1440
aaaaagattt tgacataaaa gagccttgat tttaaaaaaa aaagagagag agatgtaatt 1500
taaaaagttt attataaatt aaattcagca aaaaaagatt tgctacaaag tatagagaag 1560
tataaataaa aagttattgt ttgaaaaaaa agtgtcgtt gtttctacc ccaacctgct 1620
ttcttgaccc agttctcagg gaacctgaag ggacacagga tgccggtgat aagctcacct 1680
cttcaggaag ccgcttcaag cagacctgcc accttcaagc a 1721

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2367 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

acctgtggt cccgggtttc tgcagagtct acttcagaag cggaggcact gggagtccgg 60
tttgggattg ccaggctgtg gttgtgagtc tgagcttgtg agcggctgtg ggcggccaac 120
tcttcgccag catatcatcc cggcaggcga taaactacat tcagttgagt ctgcaagact 180
gggaggaaact ggggtgataa gaaatctatt cactgtcaag gtttattgaa gtcaaaatgt 240
ccaaaaaaat cagtggcggt tctgtggtag agatgcaagg agatgaaatg acacgaatca 300
tttgggaatt gattaaagag aaactcattt ttccctacgt ggaattggat ctacatagct 360
atgatttagg catagagaat cgtgatgcca ccaacgacca agtcaccaag gatgctgcag 420
aagctataaa gaagcataat gttggcgtca aatgtgccac tatcactcct gatgagaaga 480
gggttgagga gttcaagttg aaacaaatgt ggaaatcacc aaatggcacc atacgaaata 540

DE 198 17 948 A 1

```

5  ttctgggtgg caccgtcttc agagaagcca ttatctgcaa aaatcccc cggcttgga 660
   gtggatgggt aaaacctatc atcataggtc gtcatgctta tgggatcaa tacagaycaa 660
   ctgattttgt tgttccctggg cctggaaaag tagagataac ctacacacca agtgacggaa 720
   cccaaaaggt gacataacctg gtacataact ttgaagaagg tgggtggtgtt gccatgggga 780
   tgtataatca agataagtca attgaagatt ttgcacacag ttctttccaa atggctctgt 840
   ctaagggttg gcctttgtat ctgagcacca aaaacactat tctgaagaaa tatgatgggc 900
   gttttaaaga catctttcag gagatatatg acaagcagta caagtcccag tttgaagctc 960
10  aaaagatctg gtatgagcat aggcctcatc acgacatggt ggccaagct atgaaatcag1020
   agggagcctt catctgggcc tgtaaaaact atgatggtga cgtgcagtcg gactctgtgg1080
   cccaagggtg tggctctctc ggcatgatga ccagcgtgct ggtttgcca gatggcaag1140
   cagtagaagc agaggctgcc cacgggactg taacccgtca ctaccgcatg taccagaaag1200
   gacaggagac gtccaccaat ccatttgctt ccatttttgc ctggaccaga ggggttagccc1260
15  acagagcaaa gcttgataac aataaagagc ttgccttctt tgcaaatgct ttggaagaag1320
   tctctattga gacaattgag gctggcttca tgaccaagga cttggctgct tgcattaaag1380
   gtttacccaa tgtgcaacgt tctgactact tgaatacatt tgagttcatg gataaacttg1440
   gagaaaactt gaagatcaaa ctagctcagg ccaaacttta agttcatacc tgagctaaga1500
   aggataattg tcttttggtg actaggtcta cagggtttaca ttttctgtg ttacactcaa1560
20  ggataaaggc aaatcaaat ttgtaatttg tttagaagcc agagtttatc ttttctataa1620
   gtttacagcc tttttcttat atatacagtt attgccacct ttgtgaacat ggcaagggac1680
   ttttttacia tttttatttt attttctagt accagcctag gaattcggtt agtactcatt1740
   tgtattcaact gtcaactttt ctcattgtct aattataaat gaccaaatac aagattgctc1800
   aaaagggtaa atgatagcca cagtattgct ccctaaaata tgcataaagt agaaattcac1860
25  tgccttcccc tctgtccat gacctgggc acagggaagt tctggtgtca tagatatccc1920
   gttttgtgag gtagagctgt gcattaaact tgcacatgac tggaaacgaag tatgagtga1980
   actcaaatgt gttgaagata ctgcagtcac ttttgtaaag accttgctga atgtttccaa2040
   tagactaaat actgttttagg ccgcaggaga gtttggaatc cgaataaat actacctgga2100
   ggtttgctct ctccattttt ctctttctcc tcttggcctg gccagaatat tatactactc2160
30  taaatagcat atttcatcca agtgcaataa tgtaagctga atctttttg gacttctgct2220
   ggctgtttt atttctttta tataaatgtg atttctcaga aattgatatt aaacactatc2280
   ttatcttctc ctgaactgtt gattttaatt aaaattaagt gctaattacc attaaaaaaa2340
   aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 2367

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1321 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

cctggaaaca agatccaaac ccaagtgacc ccgccggaag gtgaccagct caggtttaaa 60
aattccaaca aaccgacgtg aacaaataga ccgaccaacc aaatatacaa tccgtcaaaa 120

```

DE 198 17 948 A 1

```

tacattcact tccactacga aacccaaca aaggggtgtga atgcccgcgc agggagagncg 180
gtttttggttt catcaagtgt gtggatcgtg atgttcgtat gttcttccac ttcagtgaag 240
ttcttgatgg gaaccagctc catattgcag atgaagtaga gtttactgtg gttcctgata 300
tgctctctgc tcaaagaaat catgctatta ggattaaaaa acttcccaag ggcacggttt 360
catttcattc ccattcagat caccgttttc tgggcacggt agaaaaagaa gccacttttt 420
ccaatcctaa aaccactagc ccaataaag gcaaagagaa ggaggctgag gatggcatta 480
ttgcttatga tgactgtggg gtgaaactga ctattgcttt tcaagccaag gatgtggaag 540
gatctacttc tcctcaaata ggagataagg ttgaatttag tattagtac aaacagaggc 600
ctggacagca gggttgcaact tgtgtgcgac ttttaggtcg taattctaac tccaagaggc 660
tcctgggtta tgtggcaact ctgaaggata attttggtatt tattgaaaca gccaatcatg 720
ataaggaaat ctttttccat tacagtgagt tctctggtga tgttgatagc ctggaactgg 780
gggacatggt cgagtatagc ttgtccaaag gcaaaggcaa caaagtcagt gcagaaaaag 840
tgaacaaaac aactcagtg aatggcatta ctgaggaagc tgatcccacc atttactctg 900
gcaaagtaat tcgccccctg aggagtgttg atccaacaca gactgagtac caaggaatga 960
ttgagattgt ggaggagggc gatatgaaag gtgaggtcta tccatttggc atcgttggga1020
tggccaacaa aggggattgc ctgcagaaag gggagagcgt caagtccaa ttgtgtgtcc1080
tgggcaaaaa tgcacaaact atggcttaca acatcacacc cctgcgcagg gccacagtgg1140
aatgtgtgaa agatcagttt ggcttcatta actatgaagt aggagatagc aagaagctct1200
ttttccatgt gaaagaagt caggatggca ttgagctaca ggcaggagat gaggtggagt1260
tctcagtgat tcctaagagt tcaggcggac tggcagggtc aggcgcctgt agatgttttg1320
g 1321

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 384 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20

```

ggtcgaatcc aaatcactca ttgtgaaagc tgagctcaca gccgaataag ccaccatgag 60
gctgtcagtg tgtctcctga tgggtctcgt gcccttttgc tgctaccagg cccatgctct120
tgtctgcccc gctgttgctt ctgagatcac agtcttctta ttcttaagt acgctgcggt180
aaacctccaa gttgccaaac ttaatccacc tccagaagct cttgcagcca agttggaagt240
gaagcactgc accgatcaga tatcttttaa gaaacggctt ctcatittga aaagtctctg300
gtgggaatag tgaaaaaatg tgggtgtgtg acatgtaaaa atgctcaacc tgggtttcca360
aagtcttttc aacggcaacc tgat 384

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 367 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```

gggcactggg ggtccgggtc ctcaccaaac gattcatcgg tgactatgaa agaaatgcag 60
gtaatctcta tactagacaa gttcagatag aagggtgaaac cctggctctt cagggttcaag120
acactccagg tattcaggtc catgagaaca gcctgagctg cagtgaacag ctgaatagg180
gcattcgctg ggcagatgct gtggtgatcg ttttctccat cactgactac aagagctatg240
aactcatcag ccagctccac cagcacgtgc agcagctaca ccttgggcac ccggctgcct300
gtgggtggtc gtgggccaac aaaagtgacc tgttgacat caaacagggt gaccctcagc360
ttggact
    
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2621 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

DE 198 17 948 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

gggcctttgc ccgcctttggc ggccggctct acgttccctg ttctcgctg cagctccgcc 60      5
atggctccta aaggcagctc caaacagcag tctgaggagg acctgctcct gcaggatttc 120
agccgcaatc tctcgcccaa gtctccgcg ctcttctctg gaaacgcgtt catcgtgtct 180
gccatcccca tctggttata ctggcgaata tggcataatg atcttattca gtctgctgtt 240
ttgtatagtg tgatgacctt agtaagcaca tatttgtag cctttgcata caagaatgtg 300      10
aaatttgttc tcaagcaca agtagcacag aagaggagg atgctgtttc caaagaagtg 360
actcgaaaac ttctgaagc tgataataga aagatgtctc ggaaggagaa agatgaaaga 420
atcttgtgga agaagaatga agttgctgat tatgaagcta caacattttc catcttctat 480
aacaacactc tgttctgtgt cgtgttcatt gttgcttctt tcttoatatt gaagaacttc 540
aaccaccacag tgaactacat attgtccata agtgcttcat caggactcat cgccctcctg 600      15
tctactggct ccaaatagac catgtcagct tcacccctg gctttgtgtc tatgggtggc 660
ctgtgtgata tggaaaagta gcagggtgtt cagggtggga gacacaagat gtttttatag 720
tctagagcct ttaaaaaacc cagcagaatg taattcagta ttgttttatt ggctgttttt 780
tgacagattg ttgaaattaa atgaattgaa agggaaactc agagtactag gacgtttatt 840
aaaaggaaaa aaatgtcttg caatgtgctg taatcacaag aggagaaaat aactgttttc 900      20
cttgatctgt cagaggtcac agtaacctgg gcgagctgt tattatttat tatataatag 960
tagtaggaag ttaataactg gttctctgtg ttccaagcac aatattacaa cttcttttga1020
accgtaaata tcagaatgaa tctcttccc aggggattga acagaagctt aatgtttaca1080
agtgtttgaa ttgtgatctt gaaataaacac aaatttataa acatgatttc tctaattttc1140
caactagagg aagagaaact tgtggaaaag ttcttttttt ttctgttttt tttcttaaag1200      25
aagggcagcc aaggtagtaa cctaaaaata gtgccaggc atatgagagt tgcctacga1260
ggttaaagaa cacactgttc cactgtatgg ctttgccctt gagtggccag ggaggtcaac1320
ttgacctgct catgttggtt tgacttacta agacacagga atcattgttt tcttgacca1380
gggtctcaca ccttgaggga atgttaagta agagaaaaga cctcttccct gaattattgac1440      30
atgtaaaaaga ccaaagtaat ttttctgaac ttctgcaatt ctgagaactc tccaaggaat1500
ttacagtgat ttttagtctt gtcagcattt ttccatgagg actttcatac atttgactct1560
ttagtccaca gggtcccatt gattgtgagc aagatattta tctctttagc ccttggggat1620
ccagctgaga gcaatctctt gcattttttt acccgtgtat gtacagatat catttcttgt1680      35
gtatgccatg acttgaaaaa gtttggaag ctcttttagca atatcagcta aaaggatatg1740
aaatcacagg tgatagcagt tgcattcag taatttccca caagcagcac cccaaaggaa1800
atatagtcct aatctttact atccactctt aaatttaatg tgaatttcac acatgttatt1860
agttgttttc ttataaattt tataaaaatt attcatcggg agtttaactt ccacttccat1920
gctatcggat gtgttgggtt ccatgcaaga acttggaaga aaaacaggca ggaatgcatt1980      40
tgcataatga cccagatcat cattttctgc aactgagaat tatatttcat cattgcttct2040
agaagtctgc aattctttac ttttctttgg tgcattatta tctaggtgcc atcactggat2100
aatgtggagt gactagagaa gtccatatc actgtaagg acagttaggg taacacttta2160
gaggtttatt atttttaaaa aacttttctt gaactcctgg ccaacatggt gaaaccccg2220
ctctactaaa aataccaaaa ttagccaggc gtgatgggtg gtgacctgaa tctcagctac2280      45
ttgggagggt gaagcaggag aactgcctga acccaggagg cagaggttgc agtgagtcga2340
gatcgtgcta ctactgcctg ggtggcaagg gtgagactcc atctcaaaaa agaaacaaaa2400
aaacccaaaa agttttcttt actgttggtt aaaaaaaaaa gccagaccat agtttgactg2460
gtggcatgga atttgtgtat caaataaatg catttgctta ttgacaaac aaaaagtgtc2520      50
cactattggt gaccgagggt gggccgtttt ttgaaattg ggggggaaat ttgcccggtg2580
gtgggagggc ctttgtgggg ggggaaaaat tgccccctt g 2621

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2019 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

15

```

ctgtatccta atttcttggg gaatgaactc attcttaaac agaagcaaag atttgaggaa 60
aagagggttca aattggacca ctcagtgaag agcaccaatg gccacagggt gcagatattt 120
caagattgggt tgggaactga ccaagataac ctigatttgg ccaatgtcaa tcttatgttg 180
gagttactag tgcagaagaa gaaacaactg gaagcagaat cacatgcagc ccaactacag 240
attcttatgg aattcctcaa ggttgcaaga agaaataaga gagagcaact ggaacagatc 300
cagaaggagc taagtgtttt ggaagaggat attaagagag tggagaaat gagtggctta 360
tactctcctg tcaagttaga tagcacagtg cctcaatttg aagctccttc tccatcacac 420
agttagtatta ttgattccac agaatacagc caacctccag ctttcagtgg cagtctctag 480
25 acaagaagaac agccttggta taatagcacg ttagcatcaa gacgaaaacg acttactgct 540
cattttgaag acttgagca gtgttacttt tctacaagga tgtctcgtat ctccagatgac 600
agtcaactg caagccagtt ggatgaattt caggaaatgct tgtccaagtt tactcgatat 660
aattcagtag gacctttagc cacattgtca tatgctagtg atctctataa tgggtccagt 720
30 atagtctcta gtattgaatt tgaccgggat tgtgactatt ttgcgattgc tggagtatac 780
aagaagatta aagtcctatga atatgacact gtcattccagg atgcagtggg tattcattac 840
cctgagaatg aaatgacctg caattcgaaa atcagctgta tcagtggag tagttaccat 900
aagaacctgt tagctagcag tgattatgaa ggcactgtta ttttatggga tggattcaca 960
ggacagaggt caaaggtcta tcaggagcat gagaagaggt gttggagtgt tgactttaat 1020
35 ttgatggatc ctaaactctt ggcttcagggt tctgatgatg caaaagtga gctgtggtct 1080
accaatctag acaactcagt ggcaagcatt gaggcaagg ctaatgtgtg ctgtgttaaa 1140
ttcagccctt cttccagata ccatttggct ttcggctgtg cagatcactg tgtccactac 1200
tatgatcttc gtaacactaa acagccaatc atggtattca aaggacaccg taaagcagtc 1260
40 tcttatgcaa agtttgtgag tggtaggaa attgtctctg cctcaacaga cagtcagcta 1320
aaactgtgga atgtagggaa accatactgc ctacgttctt tcaaggggtca tatcaatgaal 1380
aaaaactttg taggcctggc ttccaatgga gattataatg cttgtggaag tgaaaataac 1440
tctctctacc tgtactataa aggaactttc aagactttgc taacttttaa gtttgataca 1500
gtcaaaagtg ttctcgacaa agaccgaaaa gaagatgata caaatgaatt tgttagtgct 1560
45 gtgtgctgga gggcactacc agatggggag tccaatgtgc tgattgctgc taacagtcag 1620
ggtacaatta aggtgctaga attggtatga aggggttaact caagtcaaat tgtacttgat 1680
cctgtcgaaa tacatctgca gctgacaatg agagaagaaa cagaaatgt catgtgatgt 1740
ctctcccaa agtcatcatg ggttttggat ttgttttgaa tatttttttc tttttttctt 1800
50 ttccctcctt tatgacctt ggacattgg gaatacccag ccaactctcc accatcaatg 1860
taactccatg gacattgctg ctcttggtgg tgttatctaa tttttgtgat agggaaacaa 1920
attcttttga ataaaaataa ataacaaaac aataaaagt ttttgagcca caaaaaaaaaa 1980
aaaaaaaaaa aaaaaagaaa agaaggagg agggaaagg
2019

```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1866 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

DE 198 17 948 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

gtgggttgctg tgacaggcac tatttgaagt gctttatcat ggattaactc ttaatcctca 60
gctaccgtat aaagtaggac ataaccocat ttcacatgca ctacactgag acttgcctcc 120
tctcccccca cattgaagat gttctttttt cataactata tactattcca ttgcatgaat 180
attctgtaat ttattttaatc cctatggat tgataattag gttcattata gatagaagtg 240
taattaacat tctgtacat gtattttgct acttgtgtgg gtatttctgt aggatgaata 300
actagaaatt tattggatca ggtttcacat ttgcagtttt gaaaactact accaaaaaga 360
tttcaccaat ttacaactcc atcattagta agaatgcctg ttgacctata gctgtccaac 420
cctgaatcct taaaaatttt tgccaatctg gtaggcacaa tttctttctt ttctttgaat 480
attaatgagg aggaacatct tttcatgttt cttggccatt tgcatttccct attatgaatt 540
gcttttgccc attttccctt ttttaattat gaaagtctaa tgactacctt ctcattgtat 600
aaaaaacaca gttcttttgaa tagagagacc cttttctcca atgctaccaa tcacattcca 660
cttaccacag tttaacatac atcctctagt cacctttccg tacgaatata catcacata 720
aaaacacttt ttacataaat aggatctcat attctgtagc tttttaaaat ttgtgtctca 780
aaaaaagata acagggtcttt aaattttcttt aatgggtgaa tatgattaaa tactatgaaa 840
atgcccattat ttattccctt aatttttttc ctctcgctat tacattgcca aagtaaacad 900
cctattcaga tgtctttgtg catgtgtgtg aatatctctt tagtctggag tccagtaagg 960
tggaattttg gatcaaaagg tttgttctct gtccaccttc agtcttccca aaggccttca1020
taactgtatt ttaccaagt gtatggagaa tgttcatttc cccatataac catacctaca1080
cttgatagtt tttatctgtt gggcgaaaaa gaaccttttc ttattttgca tttccctgat1140
tataaaaaaa aatgggtgaga ttgggggttat tttcatgttt attggccatt tatagtttac1200
tgtggattgt ttgtatccct tacctgcttt ctattgggtt atgtgtggat atattgtttt1260
tatgtttcca gcatctcctt ccccatcttc tggtaacaca acctttattt atttgtgggg1320
aacctattcc ctgtggctta ggtgagcatg tgaccaggcc tggcctcctg agtcccacag1380
cttcctagcc acagtataa aagaatgggt atataactta agccaggcta aggaaagccc1440
ttaacagaac ttctgtctga actactggaa agaagcctt atggagatcc caggaaacca1500
ggaccatgta agcctgaatt tgtgccatgt ggagagagtc tgtctgagga gaaactcgga1560
tgctagcaga aatggaaaga gaactaagtt ctgatgtcat ttttctggag gccctagatc1620
cagctgtgcc taaagcctgc cctacctccg gactttaaag ttttgtgagc caataaagtc1680
cctttcttgt ttaagataat tgaattgagt ttctgtctgt attaatatag gttatttgtat1740
ttttcttatt gatgtgtaga aaacctttgt aattttaaat tctagacttt atgcactata1800
taagttaata aaattagcat ggccttccat gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1860
aaaaaa
1966

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1189 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

ctagcaagca ggtaaacgag cttgtacaa acacacacag accaacacat ccgggggatgg 60
ctgtgtgttg ctagagcaga ggctgattaa acactcagtg tgttggtctt ctgtgccact 120
cctggaaaat aatgaattgg gtaaggaaaca gttaataaga aaatgtgcct tgctaactgt 180
20 gcacattaca acaaagagct ggcagctcct gaaggaaaag ggcttgtgcc gctgccgttc 240
aaacttgtca gtcaactcat gccagcagcc tcagcgtctg cctccccagc acaccctcat 300
tacatgtgtc tgtctggcct gatctgtgca totgctcgga gacgtcctg acaagtcggg 360
aatttctcta tttctccact ggtgcaaaaga gcggatttct ccctgcttct cttctgtcac 420
25 cccgctcct ctccccagg aggctccttg atttatggta gctttggact tgcttccccg 480
tctgactgtc cttgacttct agaattggaag aagctgagct ggtgaaggga agactccagg 540
ccatcacaga taaaagaaaa atacaggaag aaatctcaca gaagcgtctg aaaatagagg 600
aagacaaact aaagcaccag catttgaaga aaaaggcctt gagggagaaa tggcttctag 660
atggaatcag cagcggaaaa gaacaggaag agatgaagaa gcaaaatcaa caagaccagc 720
30 accagatcca ggttctagaa caaagtatcc tcaggcttga gaaagagatc caagatcttg 780
aaaaagctga actgcaaata tcaacgaagg aagaggccat tttaaagaaa cttaagtcaa 840
ttgagcggac aacagaagac attataagat ctgtgaaagt ggaaagagaa gaaagagcag 900
aagagtcaat tgaggacatc tatgctaata tccctgacct tccaaagtcc tacatacctt 960
ctagggttaag gaaggagata aatgaggaaa aagaagatga tgaacaaaat aggaaagctt 1020
35 tatatgccat ggaaattaaa gttgaaaaag acttgaggac tggagaaaagt acagtctgtt 1080
cttcaatacc tctgccatca gatgacttta aaagggtccag gagtaaaagt ttatgatgat 1140
gggcaaaagt ccagtgtatt cagtaaaagt ctaatcacia gttggaggt 1189

```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1418 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

65 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

DE 198 17 948 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

gagctcgcag	ctccgcgcgc	gcctgggtccc	agcgcccgcg	gcgcgcgcgc	cccggcccaa	60	
ccatggcgctc	ctccgcgcgc	ggctgcgtgg	tgatcggttg	cagtgaggctc	attgggcgaa	120	5
gtgggccatg	ctgttttgcca	gtggaggctt	ccagtgaaa	ctctatgaca	ttgagcaaca	180	
gcagataagg	aacgccttg	aaaacatcag	aaaggagatg	aagttgctgg	agcaggcagg	240	
ttctctgaaa	ggctccctga	gtgtggaaga	gcagctgtca	ctcatcagtg	gttgtcccaa	300	
tatccaagaa	gcagtagagg	gtgccatgca	cattcaggaa	tgtgttccag	aagatctaga	360	10
actgaagaag	aagatttttg	ctcagttaga	ttccatcatt	gatgatcgag	tgatcttaag	420	
cagttccact	tcttgtctca	tgctttccaa	gttgtttgct	ggcttggtcc	atgtgaagca	480	
atgcacgtg	gctcatctg	tgaatccgc	atactacatc	ccgctgggtg	agctgggtccc	540	
ccaccggag	acggccctca	cgacagtga	cagaacccac	gccctgatga	agaagattgg	600	15
acagtgcctc	atgcgagtc	agaaggaggt	ggccggcttc	gttctgaacc	gcctgcaata	660	
tgcaatcatc	agcgaggcct	ggcggtagt	ggaggaaagga	atcgtgtctc	ctagtgcct	720	
ggaccttgct	atgtcagaag	ggtgggcat	gcggtatgca	tcattggac	ccctggaac	780	
catgcatctc	aatgcagaag	gtatgttaag	ctactgcgac	agatacagcg	aaggcataaa	840	
acatgtccta	cagacttttg	gaccattcc	agagttttc	agggccactg	ctgagaagggt	900	20
taaccaggac	atgtgcatga	aggtccctga	tgaccggag	cacttagctg	ccaggaggca	960	
gtggaggagc	aggtgcctca	tgagactcgc	caagttgaag	agtcaagtgc	agccccagtg	1020	
aatttcttgt	aatgcagctt	ccactcctct	cattggaggc	cctatttggg	aacactgcaal	1080	
gcccttaate	agcctctgt	gacataggta	gcagcccacg	gagatcctaa	gctggctgtcl	1140	
ttgtgtgcag	cctgagtggt	gtgtgtcagg	ccggtagtct	gcccgtcact	ttggatcata	1200	25
gccctgggac	tgccggcaca	gcagcacttg	cgttctcggg	gctgtcgatt	tcctgccacc	1260	
tgggcagata	acctggagat	tttcacctt	tctttttcag	cttgattgca	tttgagtatg	1320	
atttgacagc	cagtgattgt	agttttcatg	ttaatatgtg	ggcaaaatat	tttcgtaat	1380	
atttttgtaa	tccctttctg	agtaatctgg	gggtcctt			1418	30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 814 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

gcagcaacgg	ggtgcggcag	ggtggggaac	gcgggagggg	gccagctccc	aggaaagctg	60	
gtctgcgagc	ggccctgccc	cggtcccccag	gtccctgcgc	gaccccgccc	ttcccgagac	120	
cccagccggg	ctgcgcggcg	cgtcccggaa	gctccagcct	gaaccatgtt	tttcacttgt	180	65
ggcccaaatg	aggccatggt	ggctccggg	ttctgcccga	gccccccagt	catgggtggct	240	
ggaggggcgtg	tctttgtcct	gcctgcctc	caacagatcc	agaggatctc	tctcaacaca	300	
ctgaccctca	atgtcaagag	tgaaaaggtt	tacactcgcc	atgggggtccc	catctcagtc	360	

actggcattg cccaggtgaa gctttcagag ccttttcccc acagtcacat tccccatcac420
 cctctctccc agacattaag acatcttctg gccatagcct tctcaaccc+ tgcctgcaga480
 gaagtctctc tgctagtctc atcttttcca ggcaccccaa ggcacttgcc tccctcctcct540
 5 ttccttccct gaaatggaag aagcatttct gagagggtc tcccttctct ctctgctttt600
 cctctgactt catgagaccc ccaccacacc tttcctaccc ctactctggc tacaggtaaa660
 aatccagggg cagaacaagg agatgttggc ggcgcctgt cagatgttgc tggggaagac720
 ggaggctgag attgccaca ttgccctgga gacgttagag ggccaccaga gggccatcat780
 10 ggccacatg acttgtggga ggttgggtc taga 814

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3039 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

gaactgagat attgtaatca aatagttaac atcaggaagt taatttggct ggcaaaattc 60
 45 tagggaaaact tggccagaaa actggtgttg aaggcttttg ctcatataaa caagtgccat 120
 tgagtttcaa atgaccagca aatatattta gaacccttcc tgttttatgt ctgtacctcg 180
 tccacccctc aggtaatacc tgcctctcac aggtacagct gtttcttga aatcctcaa 240
 ccaaatagca gttttcctaa cttgattagc ttgagctgac agactgttag aatacagttc 300
 tctggccaca gctgatgagg gctttctgta ctgcacacag atttgttact gcacccagc 360
 50 ccaggtgact ggtaccact cgagttgtgc cgtgcaaaa+ c+gtccagta tatgcatgtg 420
 gtggccctac tgactggtaa tggttagagg catttatgga ttttaagctt tgaggaaaaa 480
 ccatgacttt taacaaattt ttatgggtta tatgcctaaa ccttatgcc acatagtgg 540
 aaataattat gaaaaatggc ctgttcataa ttggtagggt ccttttgtga gcaggagca 600
 55 taattatttg tttattatgg taattatggg gattttttaa atatcatgta atgttaaaac 660
 gttttctaac agtttactgt tgcttatctc caagatatta tggaaattaag aatttttcca 720
 gatgagtgtt acatagattc ttggaattta gtataaaagt actgagaatt aagtttgtac 780
 ttccataagc ttggatttta aacactgata gtatctcatg agtaatgtgt gttttgggag 840
 agggagggat gctgattgat atttcacatt gtatgaaata ccatgtttga aactcatagc 900
 60 aataatgcta tgctgtttg atccctctca agttctgcat ttaaaatata ttttttcttt 960
 ataggaattg atgtatacca tgaagtcatt gtcagttgta gtagctctga tgttgaatga1020
 gatatacatg ttttagcattc cattttactg actagggtag aagaacactt ttcttggcta1080
 catttgagg ataccaggg agtcttgggt gttccttacc tggggaagca aacatttcac1140
 tagtctcttt ttttcatcct ttaaattgta aattaaggat tactcaagct caccattatt1200
 65 caagattggg actcgcttcc cagtcgacac tctgccctgc ctgtcattgc tgcaaagagc1260
 tgctgctttg ccaacctaaag caaagaaaat acggcttctc ttgcattatt ttcccttttg1320
 gttggtttgt tttctagaag tacgttcaga tgctttggg aatgcaatgt atgatttgct1380
 agctctctca ccacttaact cactgtgagg ataaatatgc atgctttttg taattaactg1440

DE 198 17 948 A 1

```

gtgctttgaa aatctttttt aaggagagaa aatcacaacc aaagtatatgc tcatccagccl500
aagctgacct ttgagttaat ttcagcacaa ctcaatcttc agtgccctcat gactgaaaac1500
aaaaaacaac aaaacgaaaag catcttcaca atgaagcttc cagatagcac cgttttgcta1620
aaagatacat tctcattggt ttccaacagt gatggcttcc acataagggt aaacaaacta1680
ggtgcttgta aataatttat tacagtttac tctatcgcat tctgtaaca tgaaatgcat1740
gcccttcttc aggggaagac tgtggtcaag ttaaaaaaaa aaaacaatat taaacaacat1800
gaaactgcag tctgtttttg aaaatgagaa tgtcctaagt gattcagaag agaggaggga1860
agttgtgcac tctgaaaatg catgaaaaac aaaggcaaaa actagtggga aatgtgtaga1920
actgttaact gagacggctt cgagtcttcc ttctggaatc tgtaaaattt cacaagtc1980
tgagggtaaa tggagaaaat atttctggga ttacaatgaa tgtaagccca aattgtggaa2040
ttgccagtaa cctggatggg gaaaagcatt tcccatagca ctccatgtaa tatgagtgtc2100
ctgtgagatg ttcacagtg ttttatagaa atggtgttgc tgggaaacca agtttgcacc2160
tggaacttta caatgcactt tagcgcagta agggcttggc atccggtagt gaaaaactgt2220
ctaaccacgc atcgcccaa ctattttgac accagcacct tttctcctt tgggatactt2280
atgaacctct cactaatgtc ctgtggagaa cattttggga aacactatgt tagatagttc2340
tttaaggaga caaaccgta atgaacagat agcactgggg cagaatatgc atgcattttg2400
taactgccag tggggcgttg aatagatgtg tatttctcc cctgcagaaa ataagcacag2460
aaaattataa tgtagtgat cgagctctt tcttttgata gagagaacag ccccaatgat2520
cctggctttt tcaactgaac tatcagaata catgcatgaa ttggggtaaa taaggtttta2580
attcagatct agaagaaaat attgtacgtt tgaatgcaga tttttatcca cagatagttg2640
tagtgtttag acatgacagg acctatcgtt gaggtttcta agacttacta tgggctgtaa2700
acctgttttt taaaactatt ttagaaacct gagacttgcc gtctggcatt ttagtttaat2760
acaaactaat gattgcattt gaaagagatt cttgacctta tttctaaaacg tctagagctc2820
tgaaatgtct tgatggaagg tattaacta tttgcctgtt gtacaaagaa atgttaagac2880
tcgtgaaaag aattactata aggtactgtg aaataactgc gattttgtga gcaaaacata2940
cttgaaaatg ctgattgatt tttatgcttg ttagtgattt gcaagaaaca cagaaaaatgt3000
agttttgttt taataaacca aaaattgaac ataaaaacc 3039

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1448 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```

taccaatctg aagggggaag cggcgccgcc atgcctccc ggcgctccct ccccgactcc 60
taagtccttc ggccgccacc atgtccgcct cgctgtctt cattctggac gtaaggga 120
agccattgat cagccgcaac tacaaggcgc atgtggccat gagcaagatt gagcacttca 180
tgcccttgct ggtacacggg gaggaggaag gcgcctggc cccgctgctg agccacggcc 240
aggccactt cctatggatc aaacacagca acctctactt ggtggccacc acatcgaaga 300

```


DE 198 17 948 A 1

```

atgccaatgc ctccctggtg tactccttcc tgtatagac aatagaggta tcttgcaat 360
acttcaagga gctggaggag gagagcatcc gggaactt tctcatcgcc tacgagttgc 420
tggacgagct catggacttt ggcttcccgc agaccaccga cagcaagatc ctgcaggagt 480
5 acatcactca gcagagcaac aagctggaga cgggcaagtc acgggtgccca cccactgtca 540
ccaacgctgt gtcttgccgc tccgagggtg tcaagtataa gaagaacgag gtcttcattg 600
atgtcataga gtctgtcaac ctgctgggtc atgccaacgg cagcgtcctt ctgagcgaaa 660
tcgtcggtag catcaagctc aaggtgtttc tgtcaggaat gccagagctg cggctgggcc 720
tcaatgaccg cgtgctcttc gagctcactg gccgcagcaa gaacaaatca gtagagctgg 780
10 aggatgtaaa attccaccag tgcgtgcggc tctctcgctt tgacaacgac cgcaccatct 840
ccttcacccc gctgatggtg gactttgagc tcatgtcata ccgcctcagc acccaggtca 900
agccactgat ctggattgag tctgtcattg agaagttctc ccacagccgc gtggagatca 960
tggtaaggcg caaggggcag ttaagaaac agtcagtggc caacggtgtg gagatatctg 1020
15 tgctctgacc cagcgatgcc gactcccca gattcaagac cagtgtgggc agcgccaagt 1080
atgtgccgga gagaaacgtc gtgatttggg gtattaagtc ttcccgggg ggcaaggagt 1140
acttgatgag agcccacttt ggctcccca gtgtggaaaa ggaagagggtg gagggccggc 1200
cccccatcgg ggtcaagttt gagatccctt acttcaccgt ctctgggagc caggtccgat 1260
acatgaagat cattgagaaa agtggttacc agggccctgc cctgggggtt cgctacattc 1320
20 acccagagtg ggcgattacc aactttcgtt accagctagg aaggggagaa gagatggggg 1380
ggttttaaca cggggtttgc ttacagccc cggatgcaga tttttagaag ggagggcagg 1440
tgcgggtt 1448

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1394 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

55 atgaatacaa ggctgcaagt ggaacatcct gttactgaga tgatcacagg aactgacttg 60
gtggagtgcc agcttagaat tgcagcagga gagaagattc ctttgagcca ggaagaaata 120
actctgcagg gccatgcctt cgaagctaga atatatgcag aagatcctag caataacttc 180
atgcctgtgg caggccccatt agtgacacct tctactcctc gagcagaccc ttccaccagg 240
attgaaactg gagtacggca aggagacgaa gtttccgtgc attatgaccc catgattgag 300
aagtgggtcg tctggggcagc agatcgccag cgggcattga caaaactgag gtacagcctt 360
cgtcagtaca atattgttgg actgcccacc aacattgact tcttactcaa cctgtctggc 420
caccagagtg ttgaagctgg gaacgtgcac actgatttca tccctcaaca ccacaaacag 480
ttgttgctca gtcggaaggc tgcagccaaa gagtctttat gccaggcagc cctgggtctc 540
65 atcctcaagg agaagccat gaccgacact ttcactcttc aggcacatga tcaattctct 600
ccattttcgt ctgacagtgg aagaagactg aatatctcgt ataccagaaa catgactctt 660
aaagatggta aaaacaatgt agccatagct gtaacgtata accatgatgg gtcttatagc 720
atgcagattg aagataaaac tttccaagtc cttggtaatc ttacagcca gggagactgc 780

```

DE 198 17 948 A 1

```

acttacctga aatgttctgt taatggagtt gctacaaag cgaagtgaat aacttgaga 840
acactattta cctattttcc aaggaaggaa gtatagat tgacattccr gtccccaast 900
acttatcttc tgtgagctca caagaaactc agggcgcccc cttagctcct atgactggaa 960
ccattgaaaa ggtgtttgtc aaagctggag acaaagtga aagcgagat tccctcatgg1020
ttatgatogc catgaagatg gagcatacca taaagtctcc aaaggatggc acagtaaaga1080
aagtgttcta cagagaaggt gctcaggcca acagacacac tccttttagtc gagtttgagg1140
aggaagaatc agacaaaagg gaatcggaat aaactccagc aaggaaatgg ccagttaagt1200
agtgtcttct ctctccacca aaaagaggaa gtgcctccag cttttctggg ggtctcataa1260
agagcagttt tactaaatga ttgtatgctt atgctgaaca cttttcataat tggagaatca1320
tgcatttggg tcactaatta tctcaaaata tttcatacta ataaagtga attatttttt1380
attggaagcc aaaa 1394

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 734Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```

gocgacaaga tgttcttgcg gctcttccg gctgcggggc gagtagtcgt ccgacgtctg 60
gccgtgagac gtttcgggag ccggagtctc tccaccgcag acatgacgaa gggccttggt120
ttaggaatct attccaaaga aaaagaagat gatgtgccac agttcacaag tgcaggagag180
aattttgata aattgttagc tggaaagctg agagagactt tgaacatatt tggaccacct240
ctgaaggcag ggaagactcg aaccttttat ggtctgcac aagacttccc cagcgtggtg300
ctagtgtggc tggcaaaaa ggcagctgga atcgacgaac aggaaaaactg gcatgaaggc360
aaagaaaaca tcagagctgc tgttgacgag ggtgacggc agattcaaga cctggagctc420
tcgtctgttg aggtggatcc ctgtggagac gctcaggctg ctgcggaggg agcgtgctt480
ggtctctatg aatacagatg cctaaagcaa aaaaagaaga tggctgtgtc ggcaaaagctc540
tatggaagtg gggatcagga ggcctggcag aaaggagtcc tgtttgcttc tgggcaagaa600
cttgggcacg ccaatttgat gggagacgac agccaattga gattgacgcc aaccagattt660
tgccgaaatt atttgagaag attttcaaaa ttggtagtta gttaaaaccg aggtcctttt720
cagaccccaa tttt 734

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 692 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel

DE 198 17 948 A 1

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

25

```
tgcagcgcgt gcgtgctgcg ctactgagca gcgccatgga ggactctgaa gcactgggct 60
tcgaacacat gggcctcgat ccccggctcc ttcaggctgt caccgatctg ggctggtcgc120
gacctacgct gatccaggag aaggccatcc cactggccct agaagggaag gacctcctgg180
ctcgggcccc cactggctcc gggaagacgg ccgcttatgc tattccgatg ctgcagctgt240
tgctccatag gaaggcgaca ggtccgggtg tagaacaggc agtgagaggc cttgttcttg300
ttcctaccaa ggagctggca cggcaagcac agtccatgat tcagcagctg gctacctact360
gtgctcggga tgtccgagtg gccaatgtct cagctgctga agactcagtc tctcagagag420
ctgtgctgat ggagaagcca gatgtggtag tagggacccc atctcgcata ttaagccact480
35 tgacagcaaga cagcctgaaa cttcgtgact ccctggagct tttgggtggtg gacgaagctg540
accttctttt ttcccttttg ctttgaagaa gagctcaaga agtcttctc tggtcacttt600
gcccccgat tttaacaagg cttttctcat gtcagctact tttaacgagg acgtacaagc660
actcaaggag ctgatattac ataagccggt at 692
```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

(A) LÄNGE: 571 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

DE 198 17 948 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

```

ctgccacgca cgactgaaca cagacagcag ccgcctcgcc atgaagctgc tgatggctct 60
catgctggcg gccctcctcc tgcactgcta tgcagattct ggctgcaaac tcctggaggal20
catggttgaa aagaccatca attccgacat atctatacct gaatacaaag agcttcttca180
agagttcata gacagtgatg ccgctgcaga ggctatgggg aaattcaagc agtgtttct240
caaccagtca catagaactc tgaaaaactt tggactgatg atgcatacag tgtacgacag300
catttggtgt aatatgaaga gtaatttaact ttaccaagc cgtttggtc agagggctac360
agactatggc cagaactcat ctgttgattg ctagaaacca cttttcttct ttgtgttgct420
tttttatgtg gaaactgcta gacaactgtt gaaacctcaa attcatttcc atttcaataa480
actaactgca aatcacaaaa aaaaaaaaaa gtcgacg 517

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 322 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```

tcaagctgtg ggtgagaagc tctctagcag ggactctgac cttatggagg atcgctgttt 60
cccccathtt tctttttcac ccaaaaaagt cctgcttctg tcaccttca aacagcctgt120
gagcctaaat ttttgtggcc atgggacaga caaggacccc gtcttcagct gaactaaggal80
aaagtccctgc gacatctttg gccatcaaac tccaacccaq tcaccaacc agagcctctg240
aggaatggcc cttcttgcg gggaaccctt tacaatgggc ctcttgactg atgtttcccc300
aaaacagtgc ccctgtcatc ag 322

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1559 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

gcacgagttg agagtgaagt tgtgtgtgtg cgtgtgcacg tgcacacatg tgcacggttg 60
20 tatgtatggg aaataaactt ataaatgggg acgtattgga gaaggaaata catagacctt 120
caacttttag caaatagcag tgatgtttta ggaactgaaa tgtcacactt aaagtcttca 180
gccacgctac ttccctattt ttggcgggga gaagagggcc tgattagaac tgttctggtt 240
gtgtttggcg ggagggaat aatttttgtt cagtccttct tagtgaccaa actttaattt 300
ttaagaataa tatattgact tactgaactg aagcattctg agttgaaagg agctccagag 360
25 gagtggagtt ctgtgttgc cacaatgtta aagcttgcac accttcagag cagaggggaat 420
acctatcttc agatatccgc ccattttcat ctcttcatta tagtcaaaaa gtgtgacttg 480
agagtgttgc tctgtgtgtc gtattctggc ttatgaagat tatttgaaaa agaactctta 540
ctacattgaa atgcagactt ttaaaaaatt aaatattgga ttaggcagtc aaaaaacca 600
acaagcataa aaggtcaata agttgtaatc ttaaaagtaa aggtggaaaa ctattataa 660
30 atggaagaaa agttttgatt tccctttttg tttgatgggc agtatgccat attataccca 720
aagttctttt aaaaaatatt tccatcaacc atttttattt aaaaataaca tttgagggaa 780
gttaccaagg cagctttttt cctcaaaagt aacctgttcc tctttggaat agcacatttt 840
aggggcatgg ttaataacct agatttttac tcagtaaatc ctgatgggta ctgtgtgtaa 900
35 aatatcttta agtaggatt aaggcctctg tgggggaata aaatattacc aaagtctata 960
aaaataaatt ttacatgttc tcttttatga cagagagcag cactgggtct gttattttta 1020
aaatgaataa ttgatttctt gataggtgtt taatatctct tccctcactg ctgattctta 1080
gatagaaacc attctttata ttgatagac tgctttcaga aaaccttat caacaagtgt 1140
acaatactta tctaaaaacta tacatttaga atggagcagt ttaatactag atccagaag 1200
40 ttttgaaaaa tagcaagaa gactggattt ggaaagcatg gtctacaatt ggtgtttaa 1260
ttctgaagct atgaagaata aatgtttcaa ctttgatta tgaaacocca tttatgattt 1320
tttaaataca cttgaataa aaatgattaa actaaatttt ggtccagtga catcactttg 1380
cactgcataa tccattatac gttgtacgac tttttttttt ggtttgaatt aataactgag 1440
45 agttttgtgt gaagctacgg catatctaac cggagaattt cggatgcctt atacggtgat 1500
tatattataa gggggcattt gtagtgcagc ggaagacgga atttatgcct ttgggaaac 1559

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1072 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

55

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

DE 198 17 948 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

cacacgtgct gacggcgagg acattcacat ccataagaag aaatctcagc aagtggtcgc 60
gtccccagct aaacacccca tggacagcaa ggggagggag tccaagatca gctaccccaa 120
catcttcttc atgattgaca gcttcgagga ggtgttcagc gacatgaccg tagggaagga 180
gagatgggtct gtgtggagct ggtggctagt gacaaaacca acacgttcca gggggtcac 240
tttcagggtc ccatccgcta cgaggcgctc aagaagggtg atgacaaccg ggtgagcgtg 300
gcccccgca tggcacagaa gatgtcgttt ggcttctaca agtacagcaa catggagttt 360
gtgcgcagta agggccccca gggcaagggc cagcccgaga tggcggtcag ccgagtgct 420
acagtgagca cagccccctg tgggactgaa gaggactcca gccagcttc gcccatgcac 480
gagcgggtga cctccttcag cagaccccc accccagaac ggaacaaccg gcctgccttc 540
ttctcccat cctcaagag gaagggtgcc cggaaccgga tgcctgagat gaagaagtcg 600
cactcggcca acgacagcga ggagttcttc cgggaggagc acggtggagc cgatctgcac 660
aatgcaacca acctgcgtc tcggtccctg tcgggcacag gacggtccct ggtcgggtcc 720
tggctgaagc tgaacagagc agatggaaac ttcttctct atgcacactt aacctacgtc 780
acgttgccgc tgcacggat ttaacagac atcctggaag ttccgcagaa gccatcctg 840
atgacctagc cgcgtgcgga gcctgcgcag agcccgccg gggcccagcc ctccgagtcg 900
tgccaagtgc ctacctgtcc accgccaccg gggctctgca tggcacgcca gtgttgagc 960
cgcagccagg cgaggccact cgactgccgg ggccggggcc gactgcacga acaccagccc 1020
aaactgaagt gcctctgacg ggccctgctg gcgctgcttc cgccctgtgc cc 1072

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 454 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```

gtgctgcatg gagtgagtgg cggcatccac cgtgaggagg agaggagctc tgataccctc 60
aggaccggcc aggaggggca tcacggaggc ttctggagca cttggagctg tgcctgggg 120
agaaaaccgc tcctgtgtgg gccctgagtg ctgaggagga agctgccatg cacttttccc 180
tggcattttt cctgcatggt tcgtctgttt ttttgcaaat aacatgttgt catgaatttt 240
tatgcatgag gcataattca tcatgtctgt atgctgaagt cccttccatc ctttcaattg 300

```

DE 198 17 948 A 1

gttggtggac aggagagaga ggtccaaggt gcctacatc gtgcgcag: gccgtgggag360
gagatcgagc gccgaggcac ggaggaggtg gycatccacc gcatgictgy ggtggccca420
gacatccagg cactgaaggc agccttcaac gtca 454

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 700 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

cttgctggag ccctaaccag gggatatctc gagcctgggt ggatccccgg agcgtcacat 60
cactttccga tcaattcaaa gtggttaaaa actaatattt atatgacaga agaaaaagat120
gtcattccgt aaagtaaaca tcatcatctt ggtcctggct gttgctctct tcttactggt180
tttgaccat aacttctca gcttgagcag tttgttaagg aatgagggtta cagattcagg240
aattgtaggg cctcaaccta tagactttgt cccaaatgt ctccgacatg cagtagatgg300
gagacaagag gagattcctg tggctatcgc tgcattctgaa gacaggcttg ggggggcat360
tgcagctata aacagcattc agcacaacac tcgctccaat gtgattttct acattgttac420
tccaacaat acagcagacc atctcgggtc ctggctcaac agtgattccc tgaaaagcat480
cagatacaaa attgtcaatt ttgacctaa acttttgaa ggaaaagtaa aggaggatcc540
tgaccagggg gaatccatga aacctttaac ctttgcaagg ttctacttgc caattctggg600
ttcccagcgg caaaggaagg cccgtttaca tggggtgat gatgttattt gtggcaggtg660
ggaatttttg cccctttacat tacagcagtg aggcggggc 700

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 914 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

DE 198 17 948 A 1

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

ccggcctgag gtgggcagca gctcagggtc tccaaatcat tgcgtagttc cgaataacct 60
cgccacacac tggccttctc catgctcgga ataacttcct gcagcgacca acaggctaaa120
gagggggaag ggatccagca cgggtccttc ctccggcaac caggtggga gcggcgagg180
aaatggacat aaacccgggt gtgaaaagcc agggatgaa gcccgcgga gcgggaaatc240
tgggattcag ggttcagag gacagggagt ttccagcaac atgacggaaa taagcaaaga300
gggcaatcgc ctcccttgag gctctggaga caattatcgg gggcaagggt cgagctgggg360
cagtggagga ggtgacgtg ttggtggagt caatactgtg aactctcaga cgtctcctgg420
gatgtttaac ttgacactt tctggaagaa ttttaaatcc aagctgggtt tcatcaactg480
ggatgccata aacaagaacc aggtcccgcc ccccgagcacc cgagccctcc tctacttcag540
ccgactctgc gaggatttca aacagaacac tcctttcctc aactggaaa caattattga600
gggtgaggag gcgtcatcac tgcagaaacg tgcaggcaga gccgagtcag aactacaatt660
acaaccagca tgcgtatccc actgcctatg gtgggaagta ctcagtcaag acccctgcaa720
agggggggag tctcaccttc ttctcgggtc tcccggtgac aacctgggac tgcttgagct780
tgggtgaagt ttggtgaag caatttcttg caaccaacca ccgaaggccc cggaaaaagc840
actgggttcg tcaagggaag ctctctcccc ctttggggcc cccagccttg tggcaggccc900
ctgggcccggt gttg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1669 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4ß

```

gagctgcagc agagcaggta acagctcttg cactgtttc tcttgacact gacgtgcagc 60
tgctcctacc cactctcct gggtgagcct tgcctgatac agcagcccg aggcaccact 120

```


DE 198 17 948 A 1

```

tgcttccoga gtctcaccct cccaggcagc tcttaca:tc aatgcttcl ctaygaaag 180
tctcacctcc agcctggagc agtcgggatt acagaaagcc ccatccttgy cttayggagc 240
gcatgacga ctgaaattgg ttggtggaag ctgactttcc tccgaaaaaa gaaatccact 300
cccaaagtgc tgtatgagat ccttgacacc tatgccccaa cagagggaga tgcagaaccc 360
5 ccgaggcctg acgctggagg ccccaacagc gactttaaca cccgcctgga gaagattgtg 420
gacaagagca caaagggcaa gcacgtcaag gtctccaact caggacgctt caaggagaag 480
aagaaagtga gagccacgct ggcagagaac cctaacctct ttgatgatca cgagggaagg 540
cggtcatcaa agtgaagggc tgaggagggt gctagcacct cttggctccc tgccatcagc 600
10 cagatctgag acaggacctt gccacgctgg cctctttggc catagctgaa gctgtggggc 660
cagttgatac ctgctggcag gaaatggctg ttttttaggt ttgtatttat gtgcgccac 720
ttttgtaagg cctgggagat cccagggtcc tccacctcc cctgaccac atacaaaggc 780
actctagttc aagagtgaag agtctcacc aggaggaaca gccctccttg aagcaatggc 840
15 agggccagca gggagggtgg catggcaggg aatggagaga gtgagccaga cagacttcac 900
ctccttactg gacacagggt caagggcgag tttcaattgc tgctcccttt actttctcta 960
cctgtgacta ctccctggac caatcctgag gagggcacat tttccagaag ccacgtgata 1020
ggggtctggt tctgtggagc cagaggcaga gacactgaac ttgagctcac ctctaacaac 1080
cggcagtaaa cttcctggaa ctttgccctc aggtgcggag gggacagagg accctggcac 1140
20 tctgttaggg tgctgtagaa gactagattg atggtagttt ggctgttag ttcctgtttt 1200
ggcctagact tttgcagatg gcaagtcaca caccctcaaa gggaagctac acgggcaaaa 1260
tcgggggagt ggggtgggaa tttctcctc tccctttcct actataatag tatttaagac 1320
atatcagctc cagagatgag tcctggagcc ttgaattttg ttttaaaaaa taattgtagg 1380
25 tttctctctg taataacaac gctggaaagg cagagaacct cttttatgct catgtcttgc 1440
atattattgag atgactgttt ctcatgcctt tatgttcctt catgtaagta aagtggacct 1500
ttgtgtctca aaaaaaatt tcaagcttca ggaagggtt cccaaggtgt gacaatgtag 1560
gaacctgggt cactaatttt taccatcaaa cctagcctta gtatggggat ggggcaagca 1620
gaaggagcta gttacacctc agtggctcag tctctccagt caacagaga 1669

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 355 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

```

ccggcctccc ctgctctga ggctcggggt cccagctcc gcgtaaactg cagcatttcg 60
ccctctgctc agctcccctc tgccccctct ttccaagaga gacttccaga tcccacattt 120
65 tcttgactga ttttgaagct gctgttttgc attctgattg ggaacactgg gatcattttc 180
atcatgccga cagtgtgtgt aatggatgta tccctttcca tgaccggacc tgtgtctatt 240
gagggtccg aggaatacca gcgtaagacc tagcagccca tggtttaacg atgcttgttt 300
tgagcacatg gccacaaatt acaagcttga atttacagca cttgtggttt tttca 355

```

DE 198 17 948 A 1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2628 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:42

```

gggtgcgcct gctttcgccc tcttttcca ggggagggg cgcggacttc cgcggggcgg 60
agtcgcgtcta gtgctgacgt tggcagccga acccaaagta gatcgaggcg gcgggctgca 120
cattcccggtt gttgcgttgc gtttcccttc tcttcaactc cgcgctcacg gcggcgccca 180
aagcggcgccg gcggcgccg gcgagacgac cgcggcgcca gttctcttcc tctgcgccac 240
ctgccctgct cggtcagtca gtcggcgcc gcggcccgcc ttgtgctcag acctcgcgct 300
tgccggcgccc agcccgacg gccgtagcta gcgtctggcc tgagaaacctc ggccgtccgg 360
cggcgcgggc accacgagcc gagcctcgca gcggctccag aggaggcagg cgagtgcgag 420
agtccgaggg gtggccgggg cagggtgggtg cgcgcggaag atggtcgcca agcaaaggat 480
ccgtatggcc aacgagaagc acagcaagaa catcacccag cgcggcaacg tcgccaagac 540
ctcgagaaat gcccccgaag agaaggcgtc tgtaggacctc tggttattgg ctctcttcat 600
ttttgttctc tgtggttctg caattttcca gattattcaa agtatcagga tgggcatgtg 660
aagtgcactga ccttaagatg tttccattct cctgtgaatt ttaacttgaa ctcttctctg 720
atgtttgata ccttggttga aaacaattca gtaaaagcatc ctgcctcaga atgactttcc 780
tatcatgctt catgtgtcat tccaagggtt cttcatgagt cattccaagt tttctagtcc 840
ataccacagt gccttgcaaa aaacaccaca tgaataaagc aataaaattt gattgttaag 900
atacagtagt ggacctactc tattcagtcg attaagagta agttttttta tgtggttatt 960
aaaacagtat gaacaattag tctaactctg catagacagg gctagattt tgttaaccca1020
aatgtataac tgcagtttagc ttaaaattaca atttgaagtc ttgtggtttt tatatagcta1080
ggcactttat tactcttttg aactgaaagc acaactccctt ataggttcat gtaactgtcc1140
tgtaataagg tgcttataaa tggaaacaact acacagccta gttttgccac aaccttagc1200
atctaaaaag ttttaaaagc ttctaaatgt ctaataataa gggagatgct tatagccaca1260
acatctattt taccaatatt gtttccatta cactaccttg gattttgcat gagtgcgtat1320
agtaacccaa gatgccataa aaaaaaactt gatcgtttcc tgacttaatc agttactgtg1380
gtttcactaa aagctaccgt ggtggagtgag agtcagtcag ggaagggttg tttatgttac1440
atttatttca ccagaactat ttttaatatat caaagggtgt tactatgcca aacaaaattc1500
tagggaaaaa tactgctaaa aatggatgcc tcatcagaac atgctgttga gtccaatgtg1560
ccataagaca ttttagcatg ttaaatagca cttttaatag caaaaaaagg cacatcaact1620
gcgaagtatc ccttagtttg caaatgcttt ttctagatta atgatttttc aatcattagg1680
gtactagaca catcagccta aagtggcatc tggaaattga tggatttact gataatgatc1740
agtctttagt cttccctttg ttatatgact ttataggtta tgattgatca aatttacgtt1800
ttactaatgg taagggtgag ggtcataggg cagggttttg gttttctagt actgttgaaa1860
actgcaagta ttgcctatgt gtatacttag ccataacttg gtgaaaaaaa acctgagcag1920
tgtctatgta ttaatgcgtt ggaaagaaag ctgcttgtgt ttgctttgtt aattgcctca1980
ggatatttct tttaaaataa gctgttttaa gaggaacaga agggaaatct gctacctagt2040

```

DE 198 17 948 A 1

```

ctatacacag cgtgaacctc acagggggct cctgataccc tcaaacatgg agaacagtaa2100
gggagcagag tgggtaagga ctttcaggaa cltaacaaat ctggaataag gaatgaaatca2160
actgaccttg gccagcagg ttttaacta aattgttact tgcctttctc acccagttaa2220
5 tcagtctctg tacttggttc cctttttgaa acaagtgtct tgggtaacta attctgtttt2280
atggttggtc taaattcata gcaggtgcct tattctttgc ttttagtcaa accattccat2340
atcagaattt tcttgggtt actatagata tttggcctta agttgttgtt tgtgtttttt2400
aatgtacaat gttctgataa atttgactgt taaattgcta tagctagcaa tcattttaca2460
10 tatgtaaaat tgcattccct ttgtatttca tgtgtaattc accaattaag tgcagtttat2520
attcaggttg gattatgcat gtttaggtaa acgaaagctg tgccttactt gatttattct2580
ttaaaaaata aqttccctga atatttgaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 2628

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2535 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

```

45 agttcggcac agggggagga acctggccct gggaggaggc tgttcggtgc tccacagaa 60
tcccgttctg aagggaagag catgtttgag ggcgtcccca ccatgcgtga gagctcccc 120
aaacagtaca tgcagctcgg aggcagggtc ttgctgggtc tgatgttcat gacctcctt 180
cactttgacg ccagcttctt ttctattgtc cagaacatcg tgggcacagc tctgatgatt 240
ttagtggcca ttggttttaa aaccaagctg gctgctttga ctcttgttgt gtggctcttt 300
gccatcaacg tatatttcaa cgccttcttg accattccag tctacaagcc catgcatgac 360
ttcctgaaat acgacttctt ccagaccatg tccgtgattg ggggcttgc cctgggtgtg 420
gccctgggcc ctgggggtgt ctccatggat gagaagaaga aggagtggta acagtcacag 480
atccctacct gcctggctaa gaccctgggc cgtcaaggac tgggtcgggg tggattcaac 540
55 aaaaactgcca gcttttatgt atcctcttcc ctccctcc cttggtaaaag gcacagatgt 600
tttcagaact ttatttgcag agacacctga gaatcgatgg ctcatctgc tctggagcca 660
cagtctggcg tctgacctt cagtgcaggc cagcctggca gctggaagcc tccccacgc 720
cgaggctttg gagtgaacag ccgcttggc tgtggcatct cagtcctatt tttgagttt 780
tttctggggg tacaggaggg ggccttcaag ctgtactgtg agcagacgca ttggtattat 840
60 cattcaaagc agtctccctc ttatttgtaa gtttacattt ttagcggaaa ctactaaat 900
attttgggtg gttcagccaa acctcaaaac agttaatctc cctgggttaa aatcacacca 960
gtgcttttga tgttgtttct gccccgcatt gtattttata ggaatagtga aaacatttag 1020
ggacacccaa agaatgatgc agtattaaag ggggtgtaga agctgctgtt tatgataaaa 1080
gtcatcggtc agaaaatcag cttggattgg tgccaagtgt tttattgggt aacacctgg 1140
65 gagttttagt agcttgaggc aagggtggag ggcaagaagt ccttggggaa gctgctggct 1200
tggtgctgc tggcctccaa gctggcagtg ggaagggtca gtgagaccac acagggttag 1260
ccccagcagc agcacctgc aagccagcct ggccagctgc tcagaccagc ttgcagagcc 1320
gcaqccgctg tgggcagggg gtgtggcagg agctccagc actggagacc cacggactca 1380

```

DE 198 17 948 A 1

```

accagttac ctcacatggg gccttttctg agcaaggctt cgaacgcgga ggcgcgcgtg1440
gctgagcagc accgcctctt cccagctgca ctcgcctctt ggacagjccc gacacacac1500
tttcttgagg ctgtcgtctc ctcagattgt ccgttttgta tgccgaatgc agccaaaatt1560
cctttttaca atttgatgat ccttaccgat ttgatcttaa tccgtatatt aaagtattct1620
aacactgcct tatactgtgt ttctcttttt gggggagctt aactgcttgt tgctccctgt1680
cgtctgcacc atagttaatg ccacaagggt agtcgaacac ctctctggcc cctagacctg1740
tctggggaca ggcctggctc gcctgtctcc agggctgctg cggcccagcc ccgagcctgc1800
ctccctcttg gccctctcct cattggctct gcagggcagg ggtgaggcag gtttctgctc1860
ataagtgcct ttggaagtca cctacctttt taacacagcc gaactagtcc caacgcgttt1920
gcaaatattc cctggttagc ctacttctct acccccgaat attggttaaga tcgagcaatg1980
gcttcaggac atgggttctc ttctcctgtg atcattcaag tgctcactgc atgaagactg2040
gcttgctctc gtgtttcaac ctacaccagg ctgtctcttg gtccacacct cgctccctgt2100
tagtgccgta tgacagcccc catcaaatga ccttgcccaa gtcacggttt ctctgtgggc2160
aagggttggt ggctgattgg tggaaagtag ggtggacca aggaggccac gtgagcagtc2220
agcaccagtt ctgcaccagc agcgcctccg tcctagtggg tgctcctgtt tctcctggcc2280
ctgggtgggc tagggcctga ttcggaaga tgcccttgca gggaggggag gataagtggg2340
atctaccaat tgattctgyc aaaacaattt ctaagatttt ttgctttat gtgggaaca2400
gatctaaatc tcattttatg ctgtatttta tatcttagtt gtgtttgaaa acgttttgat2460
ttttggaac acatcaaaat aaataatggc gtttgttgta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa2520
aaaaaaaaaa aaaaaa 2535

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 805 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```

ggcagagagc gcaagagcca tctccatccc cggagcatct gtatgattca gaagtacaac 60
cacgatgggg aagcaggctc gctggaggct tttagccaag gggaaagtgt cctaaaggaa120
cccaagtacc aggaagagct ggaggacagg ctgcatttct acgtggagga atgtgactac180
ttgcagggtc tccagatcct gtgtgacctg cactgatggt tctctggggg aggcgcgaag240
gcggcagagc tgctacaaga tgaatattca gggcggggaa taataacctg gggcctgcta300
cctggctcct accatcgtgg ggaggcccag agaaacatct atcgtctatt aaacacagct360
tttggctctg tgcacctgac tgcacacagc tctctgtct gcccttgte cttgggtggg420
agcctgggcc tgcgacccga gccacctgtc agcttccctt acctgcatta tgatgccact480
ctgcccttcc actgcagtgc catcctgggt acagccctgg acacagtcac tgttccttat540
cgctctgtgt cctctccagt ttccatgggt catctggctg acatgctgag cttctgtggg600
aaaaagggtg tgacagcagg agcaatcctc ctttcccttg tggtccagg ccagtccctt660
cctgattccc tgatgcagtt tggaggagcc accccatgga cccactgtg tgcatgtggg720
gagccttctg gaacacgttg ctttggccag tcagtgggtg tgagggggta tagacagagc780

```

atgccacaca agccacagac ttaat

805

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1279 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```

35 cggaagtagc cgcaggcatg gggcggtcta tgccgctgtt gctctgctcg tctgtttgct 60
   cctggggccc ggcggtctgt gccttgacga acccccacgc gacagcctgc gggaggaact 120
   tgtcatcacc ccgctgcctt ccggggacgt agccgccaca ttccagttcc gcacgcgctg 180
   ggattcggag ctccagcggg aaggagtgct ccattacagg ctctttccca aagccctggg 240
   gcagctgacg tccaagtatt ctctacggga gctgcacctg tcattcacac aaggcttttg 300
   gaggaaccga tactgggggc cacccttcct gcaggcccca tcaggtgcag agctgtgggt 360
   ctggttccaa gacactgtca ctgatgtgga taaatcttgg aaggagctca gtaatgtcct 420
   ctcagggtac ttctgcgcct ctctcaactt catcgactcc accaacacag tcaactccac 480
   tgccctcctc aaacccctgg gtctggccaa tgacactgac cactacttcc tgcgctatgc 540
   tgtgtctgcc cgggaggtgg tctgcaccga aaacctcacc ccttgggaaga agctcttgcc 600
   ctgtagtccc aaggcagccc tctctgtgct gctgaaggca gatcgcttgt tccacaccag 660
   ctaccactcc caggcagtcg atatccgccc tgtttgcaga aatgcacgct gtactagcat 720
   ctctctggag ctgaggcaga ccctgtcagt tgtatttgat gccttcatca cggggcaggg 780
   aaagaaagac tggtcctctt tccggatgtt ctcccgaacc ctacaggagc cctgccccct 840
   ggcttcagag agccgagtcg atgtggacat caccacctac aaccaggaca acgagacatt 900
   agaggtgcac ccacccccga ccactacata tcaggacgtc atcctaggca ctcggaagac 960
   ctatgccatc tatgacttgc ttgacaccgc catgatcaac aactctcgaa acctcaacat1020
   ccagctcaag tgaagagac cccagagaa tgaggccccc ccagtgcctt tctgcatgcl080
   ccagcggtac gtgagtggct atgggctgca gaagggggag ctgagcacac tgctgtacaa1140
   caccaccca taccgggctt tcccgggtgt gctgctggac accgtacctt ggtatctgcg1200
   gctgttacat ccactaccag cctgcccagg accggctgca accccacctc ctggagatgc1260
   tgattcagct gccggccaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1923 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ES1s durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

gcgcaagaca caggaggccc aggccggcag tcaggacatg gcggcgattt gcagattcca 60
atctctctgt ttctgcgcg attgaacacc caacattggc gaccgggac gcggaaagt 120
atggctgtcg tcccgcgctc tctctcagga caggacgtgg gatcatttgc atatcttaca 180
attaaagaca gaataccaca gatcctaact aaggttattg atacattgca tcgacataaa 240
agtgaatttt ttgagaaaca cggagaggaa gccgtggaag ctgaaaagaa agctatctct 300
ctcctttcta aattacggaa tgaattgcaa acagataaac catttatccc ctgggttgag 360
aaatttggtg atactgatat atggaatcag tacctagaat atcaacagag tcttttaaat 420
gaaagtgatg gaaaatcaag atggttctac tcaccgtggg tgttggtaga atgttacatg 480
tatcgaagaa ttcatgaagc aattatccag agtccaccaa tcgattactt tgatgtattt 540
aaagaatcaa aagagcaaaa ttctatggg tcacaggaat ccatcattgc ttatgtact 600
cacctgcaac aattgataag aactattgaa gacctagatg aaaatcagct gaaagatgag 660
ttttttaaac ttctgcagat ttactgtgg ggaataaagt gtgatctgtc tctctcagg 720
ggagaaagta gttctcagaa taccaatgta ctaaattcat tggaagacct aaaacctttc 780
atatttattg atgatatgga acatctttgg tcattgctta gcaattgcaa gaaaacaaga 840
gaaaaagctt ctgctactag agtgataatt gttctcgata attctggatt tgagcttggt 900
acagatttaa tattagccga cttctgttg tctctgaac tggctactga gggtcatttt 960
tatggaaaaa caattccatg gttgtttct gatactacta tacatgattt taattgggtt 1020
attgaacagg taaaacacag taatcataag tggatgtcca agtgtggggc tgactgggaa 1080
gagtataatta aatgggtaa atgggtttac cacaatcata tattttggac tctgcctcat 1140
gagtactgtg caatgcctca ggttgacact gacttatatg ctgaactaca gaaggcacat 1200
ttaattttat tcaagggtga ttgaattac aggaagtga cagggtgacag aaaatgggag 1260
ttttctgttc catttcatca ggctctgaat ggcttccatc ctgcaccact ctgtaccata 1320
agaacattaa aagctgaaat tcaggttggg ctgcagcctg ggcaagggga acagctcctg 1380
gcctctgagc ccagctggtg gaccactgga aaatatggaa tatttcagta cgatggcccc 1440
ctttgacttg atttaggagc tctcagttgc atagaaagat ctgggtgagca ccttttcatc 1500
cccagaaaag gagcacgtga attgagtcgc ctggcggtc tgtacgcgct cagggaagct 1560
tagcttcttg gtgcccatct acgtgcactg gatgattttt cttttgaaca ttttggcccc 1620
ctacactgtt tttggggata gctgggttaa gcaagttaaa gatatttaca tttatattgg 1680
agattttaag caactttttt ttcagggtaa atatataatt tcaaagtgc tttaaatgga 1740
ccttaatttt gaagtgggtg gggccaaaaa ataaaggag ggctcctttg aggtaggtac 1800
ccttggcctt tcctaaaaag cccctcaatg ggatttagat ccgggggggt ggggttattt 1860
tccttgggtt ggccatgaaa atccttgga ccggttatg cccttttgaa aaggggggtt 1920
ttt

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

65

(A) LÄNGE: 706 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

25

30

35

```
cattttacga caggcgggat tgttttgtgg ctgtcagctt tctccgtggt ctgagtttgt 60
ggctgcattt ttatctctgg tggctctgct acggcggcgc agaatgagg cagaagcggal20
aaggagatct cagccctgct gagctgatga tgctgactat aggagatgtt attaaacaac180
tgattgaagc ccacgagcag gggaaagaca tcgatctaaa taaggtgaaa accaagacag240
ctgccaaata tggcctttct gcccagcccc gcctgggtgga tatcattgct gccgtccctc300
ctcagtatcg caaggtcttg atgcccaagt taaaggcgaa acccatcaga actgctagtgt360
ggattgctgt cgtggctgtg atgtgcaaac cccacagatg tccacacatc agttttacag420
gaaatatatg tgtatactgc cctgggtggac ctgattctga ttttgagtat tccaccag480
cttacactgg ctatgagcaa cctccatgag agctattccg tgccagatat ggaccctttt540
ccttacagga caaggacacc ggattaggaa cagtttaaaa caagttgggt tcgtagtgtg600
gggttaagtg ggagtttgtt tgtggatggg gtgggaactt tttggggccg ttccagagga660
ttacagagtt atttttattt cggaaagttta cgtgatgggt tttccg 706
```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

(A) LÄNGE: 749 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

60

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

65

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

DE 198 17 948 A 1

gacctatcct	catctgtgca	aggaggagtg	gccaactctg	gagcccagge	tgttgcttcc	60	
tgggtctggt	gtgaatcctc	catagtctgg	tgagtgtagt	gccaactct	ggagcccagg	120	
atgtttgcttc	ccgggtctgg	ggtgaatcct	ccatagtctg	gagatctcag	ccctgctgag	180	
ctgatgatgc	tgactatagg	agatgttatt	aaacaactga	ttgaagccca	cgagcagggg	240	5
aaagacatcg	atctaaataa	ggtgaaaacc	aagacagctg	ccaaatatgg	cctttctgcc	300	
cagccccgcc	tgggtggatat	cattgcttgc	cgtccctcct	cagtatcga	aggtcttgat	360	
goccaaagtta	aaggcgaaac	ccatcagaac	tgctagtggg	attgctgtcg	tggctgtgat	420	
gtgcaaacc	cacagatgtc	cacacatcag	ttttacagga	aatatatgtg	tatactgccc	480	
tgggtgggac	ctgattctga	ttttgagtat	tccaccag	cttacctgg	gctatgagcc	540	10
aacctccatg	aggagctatt	ccgtgccaga	tatggacct	tttccttaca	ggacaaggac	600	
accggattag	gaacagttta	aaacaagttg	ggttcgtagt	gtggggttaa	gtgggagttt	660	
gtttgtggat	gggtgggaa	ctttttggg	ccgttccaga	ggattacaga	gttattttta	720	
tttcggaagt	ttacgtgatg	ggttttccg				749	15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 857 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

accttaccaa	ggggagaaaa	aaacctcca	ctttggctca	ctgtgggttt	ggcactaaga	60	
ggcagcatat	ctgaaggagg	tcattccagt	tttataagta	cygacagtgc	tgttggaact	120	
gaccacaaaa	atgtattggt	aaaaaaaaat	tgaaaaccag	cagtgtattg	ggccccctg	180	
aaacctctgt	gaatcgagg	tgggccagg	agggtgcagg	acgcagcaga	aatagtcca	240	
gaaaggagag	acgggtcatg	cagcgggctt	gtgctttttt	gtgtgtgttt	gtgtgtttta	300	
caccatacat	ctccaaatga	agtattttat	aacaattgta	gtgtaagcct	gtgataaaat	360	
agcacaaaag	ttctttaaag	aagttcactt	ttaaggcatc	agaaaagtta	atgtggcaaa	420	
catttttaatt	aaaacatcag	aagtaaattt	tatttttaaac	tttaggcctc	tgaatttttc	480	
cagtaaacac	agttcagcta	tgtggcaaag	tcaatgggtg	gcatctaaaa	tgacttttta	540	
cattctacaa	aaaaataaaa	taaaataagg	acacagcccc	aaacgggtgc	acctcttcgc	600	
ggccgctcca	catgcacaga	atctactagg	atttgtcacg	gccgggtggc	acccgatttg	660	
ttttgactat	acaacaaact	tttttttcaa	aagtatttgt	tcaggataac	tttaaaaaata	720	
atataaaaaat	aaacaatgga	tttgactttt	ccctcaaaat	tgaaaagaaa	gggggtgggg	780	
gaggtgttaa	ccattggcct	tttttttttt	ggaggggccc	cattgggatt	gtaaggccct	840	
ggggttccgg	cctttcc					857	65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 268 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50
- ```

ccgcgccccg cccccaggca attttaataa taaatcttaa tagatggggt aagagctgcc 60
ttcatcccat acagagaata caatgggtct agactaagta gagattttat ttcagcttaa120
agattctgtt tgatgtctga aattacatgt ttaggcggca tggggaacag gactgttctt180
tagcatcagt ttcacaatta ctttaatcta ctaggtttca ttcaccttat aattctgaaa240
tttcatcagc agtggggaac agaaaagg 268

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 267 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```

ctgatgtgca ctctagggtta gtaaccattt ttgtgaaaaa tttagagaaa ttctttgagc 60

```

## DE 198 17 948 A 1

agcttccact gaaacactaa aacccaatag gcccaaggc ccataaccg aggaaacctt 20  
atattattgct taatccaaca taggctatga aagctttgag tttcctcttg tgtattagaal80  
tttcattcct atttggttga gagagtatag tacggggaat cagtaaatta aatgaagtaa240  
actaaagatt acacctttgc tgcctggcact aagcgaaaag caaaaccagt ggctgtc 297

5

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

10

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 590 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

#### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

#### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

40

acgggtcaaaa tgataactca tgtattttat tccaacaaca tttggtttat aaaggaatac 60  
aaacaggcac aaaacatggt tcagaagatt tattaagtaa acttgctaaa atatggacag120  
atacaacttag cagtcaaaaca gttgaatatt catttgctacc tcattaaagt ttttgtatct180  
gtattaccag gtccaaacat aaaaaccacc tctgttcaaa aaataaatgt tcagagagct240  
gtatgttctt tgttctggta tgtacatttt aaaaaaacac ctctttccag tcttgctaac300  
caagaatatt agtcatataa aagaacttag aatttttttc cccaagtaca agctatcttt360  
tgctccaaaa cagttctgaa ggttttattt atattttatc ttatcccagag ggaccaacag420  
caggcatacc tttgccaggc cttcttgag aaagacacag agccgtaaaag gcaaaaaataa480  
aattgcaata aagtatatgg tattgggggc agggagaacc agaaaccctc aaggggacca540  
attttttagca cgttcttttt ttagggttta ccctgtggag taagaactag 590

50

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

55

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1714 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```

ggaaggggaa gtttcgcctc agaaggctgc ctcgctggtc cgaattcggt ggcgccacgt 60
ccgcccgtct ccgccttctg catcgcggtt tcggcgggtt ccacctagac acctaacagt 120
cgcgagaccg gccgcgtcgt gagggggctg gcacggggag tcgggcggtc ttgtgcatct 180
20 tggctacctg tgggtcgaag atgtcggaca tcggagactg gttcaggagc atcccggcga 240
tcacgcgcta ttggttcgcc gccaccgtcg ccgtgccctt ggtcggcaaa ctcggcctca 300
tcagcccggc ctacctcttc ctctggcccg aagccttcct ttatcgcttt cagatttgga 360
ggccaatcac tggcaccttt tatttcctg tgggtccagg aactggattt ctttatttgg 420
25 tcaatttata tttcttata cagtattcta cgcgacttga aacaggagct tttgatggga 480
ggccagcaga ctattttatc atgctcctct ttaactggat ttgcatcgtg attactggct 540
tagcaatgga tatgcagttg ctgatgatc ctctgatcat gtcagtactt tatgtctggg 600
cccagctgaa cagagacatg attgtatcat ttgggtttgg aacacgattt aaggcctgct 660
atttaccctg ggttatcctt ggattcaact atatcatcgg aggctcggta atcaatgagc 720
30 ttattggaaa tctggttgga catctttatt ttttcctaag gttcagatac ccaatggact 780
tgggaggaag aaattttcta tccacacctc agtttttgta ccgctggctg cccagtagga 840
gaggaggagt atcaggattt ggtgtgcccc ctgctagcat gaggcgagct gctgatcaga 900
atggcggagg cgggagacac aactggggcc agggctttcg acttgagac cagtgaaggg 960
gcggcctcgg gcagccgctc ctctcaagcc acatttcctc ccagtctgg gtgcgttaa1020
35 caactgcgtt ctggctaaca ctggttgacc tgaccacac tgaatgtagt ctttcagta1080
gagacaaagt ttcttaaate ccgaagaaa atataagtgt tccacaagtt tcacgattct1140
cattcaagtc ctactgctg tgaagaacaa ataccaactg tgcaaattgc aaaactgact1200
acattttttg gtgtcttctc ttctccctt tccgtctgaa taatgggtt tagcgggtcc1260
40 tagtctgctg gcattgagct ggggctgggt caccaaaccc ttcccaaaag gacccttatc1320
tctttcttgc acacatgcct ctctccact ttcccaacc cccacatttg caactagaag1380
aggttgccca taaaattgct ctgcccttga caggttctgt tatttattga cttttgccaa1440
ggcttggta caacaatcat attcacgtaa ttttccctt ttggtggcag aactgtagca1500
atagggggag aagacaagca gcggatgaag cgttttctca gcttttggaa ttgcttcgac1560
45 ctgacatccg ttgtaaccgt ttgccacttc ttcagatatt ttataaaaa agtaccactg1620
agtcagttag ggccacagat tggattaat gagatacgag gggtgttgcg ggtgtttgt1680
tccgagtaag tgagaagggt agtgattga ctac 1714

```

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1340 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

65 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

# DE 198 17 948 A 1

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```

ctcgagccgc tcgagccgaa tcggctcgag ctgaaaaagg gctacctgac cctgtcagac 60
agtggggaca aggtggccgt ggaatgggac aaagaccatg gggtcctgga gtcccacctg 120
gcggagaagg ggagaggcat ggagctatcc gacctgattg ttttcaatgg gaaactctac 180
tccgtggatg accggacggg ggtcgtctac cagatcgaag gcagcaaagc cgtgccctgg 240
gtgattctgt ccgacggcga cggcaccgtg gagaaaggct tcaaggccga atggctggca 300
gtgaaggacg agcgtctgta cgtgggaggc ctgggcaagg agtgagcagc cactacgggt 360
gatgtggtga acgagaaccc ggagtgggtg aagggtggtg gctacaaggg cagcgtggac 420
cacgagaact ggggtgtccaa ctacaacgcc ctgcgggctg ctgcgggcat ccagccgcca 480
ggtaacctca tccatgagtc tgctctgtg agtgacacgc tgcagcgctg gttcttctg 540
ccgcgccgag ccagccagga gcgctacagc gaggaaggac gacgagcgca agggcgccaa 600
cctgctgctg agcgccctcc ctgacttcgg cgacatcgct gtgagccacg tcggggcggt 660
gggtccccact cagcgcttct cgtccttcaa gtccatcccc aacaccgacg accagatcat 720
tgtggccctc aaatccgagg aggacagcgg cagagtcgcc tcctacatca tggccttcac 780
gctggacggg cgcttcctgt tgccggagac caagatcgga agcgtgaaat acgaaggcat 840
cgagttcatt taactcaaaa cggaaacact gagcaaggcc atcaggactc agcttttata 900
aaaacaagag gagtgcactt ttgttttggt ttgttctttt tggaactgtg cctgggttg 960
aggtctggac agggagccca gtcccgggcc ccatagtggg gcgggcactg gacccccggg 1020
ccccacggag gccgcgggtc gaactgcttt ccatgctgcc atctggtggg gatttcggtc 1080
acttcaggca ttgactcaag gcctgcctaa ctggtctggg cgtttcttcc atccgacctc 1140
gtttcttttc tttcctatgt tcttttggtc agtgaatatc cctagagctc ctaccatatg 1200
tcaggcccta tgctcaccg tgagaacgca gtaagcatga aggtggacct ggtttgctgg 1260
gaaccggagg gctaaccgcc ttttcttcc caaatgtgtg gccttggaa aatcagggtc 1320
agccctgaag atccttgggg 1340

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

40

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 765 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

60

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

# DE 198 17 948 A 1

```

caggattgaa acaagatggc gggttcgtgg tgagaagccg tcaaggagta gaaattggta 60
tgcttagaag cagattctaa aagcagtttc tcttcagaac atcttttttc ataccacttg120
ataagcatct tgaacaccca tggctgtagc tgcagtaaaa tgggtgatgt caaagagaac180
5 tatcttgaaa catttatctc cagtccaaaa tggagcttta tattgtgttt gtcataaatc240
tacgtattct cctctaccag atgactataa ttgcaacgta gagcttgctc tgacttctga300
tggcaggaca atagtatgct accacccttc tgtggacatt ccatatgaac acacaaaacc360
tatccctcgg ccagatcctg tgcataataa tgaagaaca catgatcaag tgcgaaaac420
cagattggaa gaaaaagttg aacaccttga ggaaggacct atgatagaac aacttagcaa480
10 aatgttcttt actactaagc accgttggtg tcctcatgga cggatcacac gatgtcgtaa540
gaatctgaat cctccaaaag acagatgatg cggaggttcc tgggggaatc aaagagaaat600
gtgcctcatt tgccatttga gaaaatgcag tctggtgtat tcagtaatat atagtaaatg660
aataatgata aaatatcttt tcatatatta gaatgtgtac ttttatataa agtaattctg720
15 gatttgacat tctcatttag ggggacctat tccttttttc gtttt 765

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

20

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1647 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```

50 gcagccggag taagatggcg gcgctgaggg ctttgtgcgg ctccgggggc gtcgcgggcc 60
aggtgctgcg gcctggggct ggagtcgcat tgccgattca gcccagcaga ggtgttcggc 120
agtggcagcc agatgtggaa tgggcacagc agtttggggg agctgttatg taccacagca 180
aagaaacagc ccactggaag cctccacctt ggaatgatgt ggaccctcca aaggacacaa 240
ttgtgaagaa cattaccctg aactttgggc cccaacaccc agcagcgcac ggtgtcctgc 300
55 gactagtgat ggaattgagt ggggagatgg tgcggaagtg tgatcctcac atcgggctcc 360
tgcaccgagg cactgagaag ctcatatgaat acaagaccta tcttcaggcc cttccatact 420
ttgaccggct agactatgtg tccatgatgt gtaacgaaca ggctattct ctgctgtgg 480
agaagtgtct aaacatccgg cctcctcctc gggcacagtg gatccgagtg ctgtttggag 540
aaatcacacg tttgttgaac cacatcatgg ctgtgaccac acatgccctg gaccttgggg 600
60 ccatgacccc tttcttctgg ctgtttgaag aaaggagaaa gatgtttgag ttctacgagc 660
gagtgtctgg agcccgaaat catgctgctt atatccggcc aggaggagtg caccaggacc 720
tacccttggt gcttatggat gacatttatc agttttctaa gaacttctct cttcggttg 780
atgagttgga ggagtgtctg accaacaata ggatctggcg aaatcggaca attgacattg 840
65 gggttgtaac agcagaagaa gcacttaact atggttttag tggagtgtat cttcggggct 900
caggcatcca gtgggacctg cggaagaccc agccctatga tgtttacgac caggttgagt 960
ttgatgttcc tgttggttct cgaggggact gctatgatag gtacctgtgc cgggtggagg1020

```

# DE 198 17 948 A 1

```

agatgcgcca gtccctgaga attatcgac agtjctaaa caayatg:ct cctggggaqa1080
tcaagggttg tgatgccaaa gtgtctccac ctaagcgagc ag-gatgaag acttccatgg1140
agtcactgat tcatcacttt aagttgtata ctgagggcta ccaagttcct ccaggagcca1200
catatactgc cattgaggct cccaaggag agtttgggt gtacctggtg tctgatggca1260
gcagccgccc ttatcgatgc aagatcaagg ctccctggtt tgcccatctg gctggtttgg1320
acaagatgtc taagggacac atgttgccag atgtcgttgc catcataggt acccaagata1380
ttgtatttgg agaagtagat cggtagcagc gggagcagc tttgatcccc cctgcctatc1440
agcttcttct gtggagcctg ttctcactg gaaattggcc tctgtgtgtg tgtgtgtgtg1500
tgtgtgtgtg tgtgtgtatg ttcatgtaca cttggctgtc aggttttctg tgcatgtact1560
aaaaaaggag aaattataat aaattagccg tcttgcgccc ctaggcctaa aaaaaaaaaa1620
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa
1647

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1166 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

```

cgccgcctgc gcggggggga gccagcaca gaccgcgcc gggacccga gtcgcgcacc 60
ccagccccac cgcccccccc gcgcgccatg gaccccaagg accgcaagaa gatccagttc 120
tcggtgcccg cgccccctag ccagctcgac ccccgccagg tggagatgat ccggcgccagg 180
agaccaacgc ctgccatgct gttccggctc tcagagcact cctcaccaga ggaggaagcc 240
tccccccacc agagagcctc aggagagggg caccatctca agtcgaagag acccaacccc 300
tgtgcctaca caccaccttc gctgaaagct gtgcagcgca ttgctgagtc tcacctgcag 360
tctatcagca atttgaatga gaaccaggcc tcagaggagg aggatgagct gggggagctt 420
cgggagctgg gttatccaag agaggaagat gaggaggaag aggaggatgc agccaggctg 480
aagtcctgaa ggtcatcagg cagtctgtg ggcaaaagac aacctgtggc cagggtctgg 540
aagggccctg ggagcgccca cccctctggt atgagtcga gagagatgga ggctctgagg 600
accaagtgga agaccagca ctaagtgagc ctggggagga acctcagcgc ccttccccct 660
ctgagcctgg cacataggca cccagcctgc atctcccagg aggaagtgga ggggacatcg 720
ctgttccccca gaaaccact ctatcctcac cctgttttgt gctcttcccc tcgctgtcta 780
gggctgcggc ttctgacttc tagaagacta aggtggtct gtgtttgctt gtttggccac 840
ctttggctga taccagaga acctgggcac ttgctgcctg atgcccaccc ctgccagtca 900
ttcctccatt caccagcgg gaggtgggat gtgagacagc ccacattgga aaatccagaa 960
aaccgggaac agggatttgc ccttcacaat tctactcccc agatcctctc ccctggacac1020
aggagaccca cagggcagga ccctaagatc tggggaaagg aggtcctgag aaccttgagg1080
tacccttaga tccttttcta ccacttttc tatggaggat tccaagtcaa catttgtctg1140
aacggcttgt aacagggttc aggttg
1166

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 487 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 10 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

35 ctcagatcgg tggacgtgct cgcctccact cggggccagg tctatgtccc ggtttcccgc 60  
 agtcgcgggc agggcgccaa ggcggcagga ggagggtgag cggtaagag acctccagga120  
 agagcggtc tcggctgttt gcatcgccga tagagaagag aaaggatgca cgtcccagga180  
 gggaggaaact actccaactt ttcctattca gaaacaaaga aaaaagatta ttcaagctgt240  
 gagggacaat tcattcctta ttgttactgg aaatacagga agtggtaaaa caactcaact300  
 cccaaaatat ctatatgaag caggggttttc acaacatggt atgattggtg taactcaacc360  
 40 acgaaaagta gctgctatat cagttgctca gagagtagct gaagaaatga aatgcacttt420  
 gggatcccaa gtaggatacc aagttcgttt tgatgattgc agttctaagg agacagcaat480  
 caaatat 487

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1630 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 50 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- 55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 60 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 65 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

# DE 198 17 948 A 1

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

5

```

aaactgtgta atgccccatg taatccataa aattttaact tttcccccta acgtttttgc 60
tgaaaaatgt tgggaaaccc tcaacaagcc ttcttgaaaa caattaaaaat acttgaaacc 120
tgtgaacctt tcaaaaaaac ctgaggttgg gaaaagaccc ccaaaccttc ttttaaggat 180
catttgtctc gccatcaca ggatcttggg aatgtttccc tagggtgtgt aaaaattaac 240
ccagggggga atgaagcaca tttttctggc aaccaaactt gagttcctca gagaacagat 300
gcagagagac ctgctcctgc ttgccggct acaggggcca ctgtggagtc aactgaggc 360
tgtgaccggc cataagcca ggagagccc tggcagctgt gccgaggcg caggacctct 420
aagcggagc ttcccaagct aggaatggag caacactgca atgaaatgtg tccaccaagc 480
tcattgttcc tcccggtgct ttataaagct cagatgtata gtgacgtatg gacaaatata 540
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gcctttcttt ctacacaggca taagacacaa 600
attatatatt gttatgaagc actttttacc aacggtcagt ttttacattt tatagctgcg 660
tgcgaaaggc ttccagatgg gagacccatc tctctgtgct tccagacttc atcacaggct 720
gctttttatc aaaaagggga aaactcatgc ctttctttt taaaaaatgc ttttttgtat 780
ttgtccatac gtcactatac atctgagctt tataagcgcc cgggaggaac aatgagcttg 840
gtggacacat ttcatgtcag tgttgctcca ttctagctt gggaagcttc cgcttagagg 900
tcttgccgc tcggcacagc tgccacgggc tctctgggc ttatggccgg tcacagctc 960
agtgtgactc cacagtggcc cctgtagccg ggcaagcagg agcaggctct tctgcatctg 1020
ttctctgagg aactcaagtt tgggtgccag aaaaatgtgc ttcatcccc cctggttaat 1080
ttttacacac ctaggaaac atttccaaga tctgtgatg gcgagacaaa tgatccttaa 1140
agaaggtgtg ggtcttttcc caacctgagg atttctgaaa gggtcacagg ttcaatattt 1200
aatgcttcag aagcatgtga ggttcccaac actgtcagca aaaaccttag gagaaaactt 1260
aaaaatata gaatacatgc gcaatacaca gctacagaca cacattctgt tgacaaggga 1320
aaacctcaa agcatgtttc ttccctcac cacaacagaa catgcagtac taaagcaata 1380
tatttgtgat tccccatgta attcttcaat gttaaacagt gcagtcctct ttcgaaagct 1440
aagatgacca tgcgcccttt cctctgtaca tataacctta agaacgccc ctccacacac 1500
tgccccccag tatatgccgc attgtactgc tgtgttatat gctatgtaca tgtcagaaac 1560
cattagcatt gcatgcaggc ttcatttct ttctaagatg gaaagtaata aaatatattt 1620
gaaatgtacc 1630

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1272 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60



```

tgcgcgcgag cccgtgcccc caccggcggc agcagcggcg ccggcgggcg ctgaacgcgg 60
agggggcgga gggagcccg: ggcggcgga cccagccacag cgaatggcg gagaccgtgg 120
ctgacacccg ggggctgac accaagccgc agaaccctgaa tgacgcctac ggacccccca 180
5 gcaacttcct cgagatcgat gtgagcaacc cgcacaacggg gggggctggc cggggccgct 240
tcaccactta cgaatcagg gtcaagacaa atcttcctat tttcaagctg aaagaatcta 300
ctgttagaag aagatacagt gactttgaat ggctgcgaag tgaattagaa agagagagca 360
aggtcgtagt tccccgctc cctgggaaag cgtttttgcg tcagttcctt ttagaggaga 420
tgatggaata tttgatgaca attttattga ggaaagaaaa caagggtgg agcagtttat 480
10 aaacaaggtc gctggctatc ctctggcaca gaacgaacgt tgtcttcaca tgtttttaca 540
agatgaaata atagataaaa gctatactcc atctaaaata agacatgcct gaaatttggc 600
aagaaggggc aaaaacgtga ctattaatga ttgataagca ccagtgaaga agttctaact 660
tttagcatgc tgcacagaaa ctggtataac atgccttcag tatactaaca ctcatatgct 720
cagttttggt ttgttttggc agttgacaag aagttaattt gcttttagtaa aaatccctca 780
15 ttccagcctt tctatataaa tagctctttc ttgctgtttt aatgtggtgc aactatagc 840
ctcacaaccc tgttattcca gtgtaatctg cagtgtcgta actaaagtta ctggcttggg 900
cttatttgca cagtttttgc gtctgtttg cttcttgcac ctgatttaact agaataattc 960
tctttccccc ttttaatttg tgatgtcact tgaccccat tttgtgtagg agcactacac 1020
20 cattggtttc caatactgca cacataagat acatacttgt gtgcagaaa tttcttctc 1080
caggcttgta atacccttca catggaagat taatgaggga aatctttata ttctgtataa 1140
aaacaaaagc aaatttatat actaaaatca tttgtctaaa aatttaagtt gttttcaaat 1200
aaaaattaaa atgcatttct gatatgcaaa aaaaaaaaaa aagaaaaaga aaaaaagagg 1260
25 ggcggcgcgt ct 1272

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1914 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```

tgcagcgcgt ggcgtgctgc ctactgagca ggcgcattgga ggactctgaa gcaactgggc 60
60 tcgaacacat gggcctcgat ccccggtccc ttcaggctgt caccgatctg ggctggctgc 120
gacctacgct gatccaggag aaggccatcc cactggccct agaagggaag gacctcctgg 180
ctcggggccc caccggctcc gggaagacgg ccgcttatgc tattccgatg ctgcagctgt 240
tgctccatag gaagcgaca ggtccggtgg tagaacaggc agtgagaggc cttgttcttg 300
ttcctaccaa ggagctggca cggcaagcac agtccatgat tcagcagctg gctacctact 360
65 gtgctcggga tgtccgagtg gccaatgtct cagctgctga agactcagtc tctcagagag 420
ctgtgctgat ggagaagcca gatgtggtag tagggacccc atctcgcata ttaagccact 480
tgcagcaaga cagcctgaaa ctctgtgact ccctggagct tttgggtgtg gacgaagctg 540
accttctttt ttcctttggc tttgaagaag agctcaagag tctcctctgg gaaggcagag 600

```

# DE 198 17 948 A 1

```

tcaacttgccc cggatttacc aggtttttct caatcagccc acttttaacg aggcaggtaca 660
agcactcaag gagctgata: tacataaccc gattaacctt aagttacagg agtcccagct 720
gcctgggcca gaccagtiac agcagtttca ggtggtctgt gagactgagg aagacaaatt 780
cctcctgctg tatgcctgc tcaagctgtc attgattcgg ggcaagtctc tgctctttgt 840
caacactcta gaacggagtt accggctacg cctgtttctg gaacagttca gcatcccccac 900
ctgtgtgtctc aatggagagc ttccactgcg ctccagggtc cacatcatct cacagttcaa 960
ccaaggcttc tacgactgtg tcatagcaac tgatgctgaa gtccctggggg cccagtcacaa1020
gggcaagcgt cggggccgag ggcccaagg ggacaaggcc tctgatccgg aagcaggtgt1080
ggcccggggc atagacttcc accatgtgtc tgctgtgtct aactttgatc ttcccccac1140
ccctgaggcc tacatccatc gagctggcag gacagcacgc gctaacaacc caggcatagt1200
cttaaccttt gtgcttccca cggagcagtt ccacttaggc aagattgagg agcttctcag1260
tggagagaac agggggccca ttctgtctcc ctaccagttc cggatggagg agatcgagg1320
cttccgctat cgctgcagg atgccaatgcg ctccagtact aagcaggcca ttccggaggc1380
aagattgaag gagatcaagg aagagcttct gcattctgag aagcttaaga catactttga1440
agacaacctt agggacctcc agctgtctgc gcatgacctt cctttgcacc ccgcagtggt1500
gaagccccac ctgggcatg ttctgacta cctggttctt cctgctctcc gtggcctgt1560
acgccctcac aagaagcggg agaagctgtc ttctcttgtt aggaaggcca agagagcaaa1620
gtcccagaac ccactgcgca gcttcaagca caaaggaaaag aaattcagac ccacagccaa1680
gccctcctga ggttgttggg cctctctgga gctgagcaca ttgtggagca caggcttaca1740
cccttctgtg acaggcgagg ctctggtgct tactgcacag cctgaacaga cagttctggg1800
gccggcagtg ctgggccctt tagctccttg gcaattccaa gctggcatct tgcccctga1860
caacagaata aaaattttag ctgccccaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1914

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 608 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

```

aatggaacca ggaattctta attaagcccg aagttcccaa gtctccttag cggaaaccgg 60
aaattgcccc aggaaagcaa agaggagat gaccagtgat acctccagtg ccagaggtca120
ctttgtggag ccaaatgcgt gacatgggca gtcgagactc ggcattctct gtcccccgca180
ttaatgactc tcaggaagga ggatgtaatt caaggcaagt ttctaattcc gaagctgcct240
gttcatgtta acaggacttc tttttattcg tcaagatgta ctggttccct ggcaccttaa300
gggaaatccr gataaaggca aacctgttga gccatttggg cccataggat ccaggacct360
aagtcctgtg tttcatcggt actaccatgt gttccgtgag ggagaactgg aaggtgctgt420
caggactgtg agtcatgtca gaattctgca aagctactac gatcaaggaa actggtgtgt480
gattcttcaa aaggcctgat tatttacctg aacacatcat atataaagaa gaaatgctca540
cttaaaaaaa aaagagggga taaattaatt acccgtttaa ttaaagagaa aacttgtggg600

```

gaagtacc

608

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 2674 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

- 20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

35 tgaagagaag ttaaggtgaa gagccgaaga gcctgatgcg tgatgagcgt ctaagaaagg 60  
 agaagcaaga gcagagaaga gagagagaaa gaacgggaga gagaaaggga agaaagagaa 120  
 aggaaaagac gaagggaaga ggaagaaaga gaaaagaaa gggctcgtga cagagaaaga 180  
 40 agaaagagaa gtcgttcacg aagtagacac tcaagccgaa catcagacag aagatgcagc 240  
 aggtctcggg accacaaaag gtcacgaagt agagaaagaa ggcggagcag aagtagagat 300  
 cgacgaagaa gcagaagcca tgatcgatca gaaagaaaac acagatctcg aagtcgggat 360  
 cgaagaagat caaaaagccg ggatcgaaag tcatataagc acaggagcaa aagtcgggac 420  
 agagaacaag atagaaaatc caaggagaaa gaaaagaggg gatctgatga taaaaaagt 480  
 45 agtgtgaagt ccggtagtcg agaaaagcag agtgaagaca caaacactga atcgaaggaa 540  
 agtgatacta agaattgagg caatgggacc agtgaagaca ttaaactctga aggtgacact 600  
 cagtccaatt aaaactgacg tgataagacc tcagatcaga cagaggtaag tgtattgttt 660  
 ctcaactttga ttagggtctt ttgttactgt ttgacagtgc agcgtaaagta tgcacagatg 720  
 aagatggaac taagccgagt aagaagacat acaaaagcct cttctgaagg aaaagacagt 780  
 50 gtagtccctgc aaaacatttt gaggtacatt gttttgtctc agctattttg tagcagactc 840  
 gtgcccccat tagtgtgcct ctttggaat tatcgccac atttgaata tagtcgccat 900  
 tgaaaagtta attatccttt ttttagggat tttgatgtca tttctttttt ttttttaata 960  
 aaaagggttga actgtttttt tttttctttt tggattaag tccatcttgt gttggtacat1020  
 55 tggcagagac atatgcttta aaaacttaaa tatttcggag gcacatgttg gactactttg1080  
 ttttaattaa actgctagta tttctttgtc aaggatgttt ctagtttttt gctttattgc1140  
 cttgcattct aatgcagtgt gttctgtaac tcgagagcca gtagcattgg attgatggaa1200  
 gtgtagggtt tatgaattat tgcagctgac taccatacct cacacagcgt tgggtgtgtg1260  
 agcggcccat gaaaagccaa attaaaaatc aaggattcag tcaaactaag cagggtactca1320  
 60 tgcaggttac tcctttctct acccacatcc atgtttgaat gctattgcct tgatcctta1380  
 cgcttaactg ttgtgtatct tttttgttct ttacaagaag tgcagagggg tttttgtgt1440  
 attgcgtgaa aacttataaa acaaatgtta acagaatgga atttttttc aactgtatgt1500  
 agggctgcag tgggtggccag aattagatat ctttaaagaa ttttaaatat aataaacact1560  
 tcatattatt cgccttggtta cactcaatgc aattctcaag tctataagag gtatgtgctt1620  
 65 aatatttcct actgtgtagg agaatttgca gtcagccata ggtatgtagg aatagtcact1680  
 cactggctga tacattttaa gcagcagtgat gaatagcaag gacagacacc ttcaatttgt1740  
 gaaatcaag aactgatgca ctatatagaa cgaatttggg tttttaaaga aatattaaaa1800  
 gttagggtact gtaagtgttc ttaaaacctg taaacttcat tctgtgggct agtggtgtgg1860

# DE 198 17 948 A 1

```

gacaaaatat tcctaataag aggaagtacc aatagttga ttgttgggtg gcattcccc1920
tttgggaaag caatgtaagg ttatgtctgt gtrgtcat: cacacttagg caagcataca1980
caggcacatg gctttaagaa ccacactgat gccttgataa ttaaaaaagaa tacaagcatt2040
ccatgtacac atgttaatta gcagtttagt actgggccaa cactttctca taaaaattgg2100
ccttttacat gttgtctaata tatcattttt ccccaaattt tgcgttgtag gactactgtt2160
cgaagatttt tggagaataa ctgagaacgg cataaagtga agatcgacat ttaaaaaatg2220
agggtgaaaga aagctatagt ggcatagaaa aagtataaag ctgagttagt tttttatta2280
ttattattat taaaagttaa ttcaggactg atgtgacctt ccagatttca gaacatgtgt2340
taatagtata tatgccactg aaaacttagg tcctgtatca tacttttttc ttttaagactt2400
tttaagaaat attacttaaa catgtggctt gctcagtgtt taattgcaag ttttcaatct2460
tggtacttga aaacaggatt aaacgttagt attcgtgtga atcagactaa gtgggatttc2520
atttttacaa ctctgtctta cttagccttt ggatttagaa gtaaaaaataa agtatctctg2580
actttctgtt acaaagtga ttgtctctgt cattgaaaag ttttagtatt aatctttttc2640
taataaagtt attgactctg aaaaaaaaaa aaaa 2674

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 326 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

```

gacaaatgag gggttgcat gcagctctgc atcttaagag ttactatctt cttgccttgg 60
tgtttcgccg ttccagtgcc cctgtctgca gaccataaag gatgggactt tgttgagggc120
tatttccatc aatttttctt gaccgagaag gagtcgccac tccttaccctt ggagacacaa180
acacagctcc tgcaacaatt ccacggaat gggacagacc tacttgacat gcagatgcat240
gcttctgcta cagcagcccc actgtggggt gcctgatggg tccgacaact gcctctcgcc300
aggaagatgc aagtggatta agcaca 326

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 888 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```

ctcgtgcggt gatgttgagc agaagataca attcaaaaga gaaacagcca gtttgaaact 60
gttaccaccac cagccccgaa ttgtggagat gaagaaagga agcaatggct atggtttcta120
tctgagggca ggctcagaac agaaagggtca aatcatcaag gacatagatt ctggaagtcc180
agcagaggag gctggccttga agaacaatga tctggtagtt gctgtcaacg gcgagtctgt240
ggaaaccctg gatcatgaca gtgtggtaga aatgattaga aagggtggag atcagacttc300
actgttggtg gtagacaaag agacggacaa catgtacaga ctggctcatt tttctccatt360
tctctactat caaagtcaag aactgcccac tggctctgtc aaggaggctc cagctcctac420
tcccacttct ctggaagtct caagtccacc agatactaca gaggaagtag atcataagcc480
taaactctgc aggtctggcta aaggtgaaaa tggctatggc ttccacttaa atgcgattcg540
gggtctgcca ggctcattca tcaaaggagg acagaagggc ggtcctgctg acttggctgg600
gctagaggat gaggatgtca tcattgaagt gaatggggtg aatgtgctag atgaacccta660
tgagaagggt gtggatagaa tccagagcag tgggaagaat gtcacacttc tagtctgtgg720
aaagaaggcc tatgattat tccaagccta agaaaatccc tattgttccc tgcttgctg780
atgccagttg acagccctgc aggttctaaa gaaggaatag tgggtggagc aaaccatgac840
tcgcacatgg caaaagaacg ggcggctatt gcagacggct aatttatg 888

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 202 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# DE 198 17 948 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

atcacagggg tacaaccaga acacatacag tacttgaaaa attatttcca cctttggaca 60  
cgacagtttag cgcataattta tcaactactat attcatggcc caaaaggaaa tgaaatacga120  
acatcaaaaag aagttgaacc tttcaacaat attgatattg aaatttctat gtttgaaaaa180  
gggaaggtac ctaagattgt ca 202

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1225 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

ggccggg-gga ggcggcggt ggcgcacgga aggggaagcg ctgaggcggt ggggcccaca 60  
gccatggcgg agctgttgca ggaggagctc tcggctctgg ccgcgatttt ctgcaggccc 120  
cacgag-ggg aggtgctgag ccgctcagag acagatggga ccgtgttcag aattcacaca 180  
aaagctgaag gatttatgga tgcggatata cctctggaat tgggtgtcca ttgcccagtc 240  
aattatcctt catgtctacc tggatctctg attaactctg aacagttgac cagggcccag 300  
tgtgtgactg tgaaagagaa gttacttgag caagcagaga gccttttgtc ggagcctatg 360  
gttcatgagc tggttctctg gattcagcag aatctcaggc atatcctcag ccaaccagaa 420  
actggcagtg gcagtgaaaa gtgtactttt tcaacaagca cgaccatgga tgatggattg 480  
tggaataactc ttttgattt agatcacatg agagcaaaga ctaaatatgt caaaattgtg 540  
gagaagtggg cttcagattt aaggctgaca ggaagactga tgttcatggg taaaataata 600  
cttgatttta ctacaggag acagaaacaa cctcaagggtg tacttgattc ttcagaaaaac 660  
ctccaaagta gatgtggact caagtggaaa gaaatgcaaa gagaaaatga ttagtgtact 720  
gtttgaaaca aaagtacaga cagaacacaa aagggttctg gcatttgaaag tcaaagagta 780  
ttcagcgttg gatgaattac aaaaggaatt tgaaactgca ggacttaaga agcttttctc 840  
cgaatttgta cttgctctgg taaaatgaaa tgggaagacag gaatcttta gtaaatagc 900  
agtgtttttt gttgtttttg cattggattt ggggagtggt taattgaaat agtcaatttt 960  
aaagtttctc tgaagcaaaa tgataggcat cattctaact tcaggaacaa aagccagttc1020  
tgttttatga aatattaaac atgaagaaaa cttgtatatt ctaatgtttg ccaggaaagg1080  
ctaggttcag tagatgagac attatttaaa agataaattt aaaaagatgg taaatgaaca1140  
cttgttttta tagacaatat ttgtttgaaa ctatgtaatt ttctggctaa ttttcttgta1200  
attaaatgat tttttaaaaa aagaa 1225

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1093 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

```

30 gagggcgggc ctgtttccgg ggaggcgcgt ggggcttgag gccgagaacg gcccttgctg 60
ccaccaacat ggagactttg taccgtgtcc cgttcttagt gctcgaatgt cccaacctga 120
agctgaagaa gccgccttgg ttgcacatgc cgtcggccat gactgtgtat gctctgggtg 180
35 tgggtgtctta ctctctcatc accggaggaa taatttatga tgttattggt gaacctccaa 240
gtgtcggttc tatgactgat gaacatgggc atcagaggcc agtagctttc ttggcctaca 300
gagtaaatgg acaatatatt atggaaggac ttgcatccag ctctctatct acaatgggag 360
gttttaggttt cataatcctg gaccgatcga atgcaccaa tatcccaaaa ctcaatagat 420
tccttcttct gttcattgga ttctgtctgt tcctattgag ttttttcatg gctagagtat 480
40 tcatgagaat gaaactgccg ggctatctga tgggttagag tgcctttgag aagaaatcag 540
tggatactgg atttgctcct gtcaatgaag ttttaaaggc tgtaccaatc ctctaatatg 600
aaatgtggaa aagaatgaag agcagcagta aaagaaatat ctagtgaaaa aacaggaagc 660
gtattgaagc ttggactaga atttcttctt ggtattaaag agacaagttt atcacagaat 720
55 ttttttctct gctggcctat tgctatacca atgatgttga gtggcatttt ctttttagtt 780
tttcattaaa atatattcca tatctacaac tataatatca aataaagtga ttatttttta 840
caacctcttt aacatttttt ggagatgaca ttctgattt tcagaaatta acataaaatc 900
cagaagcaag attccgtaag ctgagaactc tggacagttg atcagcttta cctatgggtg 960
60 tttgccttta actagagtgt gtgatggtag attatttcag atatgtatgt aaaactgttt 1020
cctgaacaat aagatgtatg aacggagcag aaataaatac tttttctaataaaaaaaaaa 1080
aaaaaaaaaa aaa 1093

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 309 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

```
cacaaagtga ttgtggtatg gaacaatatt ggagagaagg caccagatga gttatggaat 60
tctctagggc cccaccctat ccctgtgatc ttcaaacaac agacagcaaa caggatgaga120
aatcgactcc aggtctttcc tgaactggaa accaatgcag tgttgatggt agatgatgac180
acactcatca gcaccccaga ccttggtttt gctttctcag ttggcagca atttcctgat240
caaattgtag ggatttggtt cctagaaagc acgtcttita ctttcattca aggtatctac300
agttattgg 309
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 380 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

```
ctcatctgat cccctttatg gccaaatcat ccttcagagt agggaaact cagacattct 60
gtgcatgttg ttccccaaa gcatggatc cacaaagtcc tgagtctctg tgtgtgctcc120
cgccctcctg gtatacagag agaaggcagg aatcaggagt tccagaagca tatacatgtg180
gctacccag caacaagcgg catcctgtgc tcagataagc tgcattggtt ggaagtgttt240
ttcctgcac gttgaggctt agtggagatg ggcaccactg ccatttgctc agaagaaggc300
tggtctggtc ctaactgcat cccacactgc ccagatcatt ctagataggt tattttctga360
atgtttatag atttcttata 380
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1253 Basenpaare



- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

20

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```

cgggcccgac tccagttagg agccttgatg ccggagggga cagtgggtcg ccgagagcgc 60
ccggagggaa ccgcctggcc ttccgggacc accaattttg tctggaacca ccctcccgcc 120
gtatcctact ccctgtgccg cgaggccatc gcttactgag aggggtcgat ttgtgtgtag 180
tttggtgaca agatttgcac tcacctggcc caaacccttt ttgtctcttt gggtgaccgg 240
aaaactccac ctcaagtttt cttttgtggg gctgcccccc aagtgtcggt tgttttactg 300
taggggtctcc ccgcccggcg cccccagtg tttctgagg cggaatggc caattcgggc 360
ctgcagttgc tgggcttctc catggccctg ctgggctggg tgggtctggt ggctgcacc 420
gccatcccg cagtggcagat gagctcctat gcgggtgaca acatcatcac ggcccaggcc 480
atgtacaagg ggctgtggat ggactgcgtc acgcagagca cggggatgat gagctgcaaa 540
atgtacgact cgggtgctgc cctgtccgcg gccttgagg cactcgagc cctaattggtg 600
gtctccctgg tgcgtgggctt cctggccatg tttgtggcca cgatgggcat gaagtgcacg 660
cgctgtgggg gagacgacaa agtgaagaag gcccgatat ccatgggtgg aggcataatt 720
ttcatcgtgg caggtcttgc cgccttggtg gcttgctcct ggtatggcca tcagattgtc 780
acagactttt ataacccttt gatccctacc aacattaaat atgagtttgg ccctgccatc 840
tttattggct gggcagggtc tgcctagtc atcctgggag gtgcactgct ctctgttcc 900
tgtcctggga atgagagcaa ggctgggtac cgtgcacccc gctcttacc taagtccaac 960
tcttccaagg agtatgtgtg acctgggac tccttgcccc agcctgacag gctatgggag 1020
tgtctagatg cctgaaaggg cctggggctg agctcagcct gtgggcaggg tgccggacaa 1080
aggcctcctg tgcactctgt ccctgcactc catgtatagt cctcttgggt tgggggtggg 1140
ggggtgccgt tgggtgggga gacaaaaaga gggagagtgt gctttttgta cagtaataaa 1200
aaataagtat tgggaaacaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1253

```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 439 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

ctaaggggag gacaggcaga aaccaggaat gccaaacttaa acctgttttg tgctctgact 60
gtttgttagt atcactctca agaatgaaga gaaacctcaa cctttctgtt tccggccaac120
tttattgaat ttgttttttt aaatgcagtt tacatgcagt ttctttgaaa agtcatgttg180
aatntagatc tgttctctga gtaagacttg gcgagtatgt gaaacttgac tcaagttaca240
tttctttttt tctgtccccc aaacgttcac gcttcttata ggctccactt tgaggctctg300
atgaacattc cagtgtctgt gttggatgtc aatgatgatt ttgctgagga agtaaccaa360
caagaagacc tcatgagaga ggtgggaagg actttaactc ctgtttttct ggtggtttcc420
ctttggttgt accttttaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1252 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

```

tggacctgcc cgacgccctg ctgccccact tgccccgcgt ggtgggcccc aagcagctga 60
tcgtgctggg aaacaaagtg gacctctgc cccaggatgc tcctggctac cggcagaggg 120
tgccggagcg actgtgggag gactgtgccc gcgccgggct cctgtgggcc cctggcacca 180
agggccacag cgccccgtca aggacgagcc acaggacggg gagaatccga atccgccgaa 240
ctgggtcccg acagtgtgca gggacgtgcg gctgatcagc gccaaagaccg gctatggagt 300
ggaagagttg atctctgccc ttcagcgctc ctggcgctac cgtggggacg tctacttagt 360
ggcgccacc aacgcgggca aatccactct cttaacaacg ctctggagt ccgattactg 420
cactgccaag ggctccgagg ccatcgacag agccaccaic tccccttggc caggtaactac 480
attaaacctt ctgaagtgtt ctatttgcaa cccaactcct tacagaatgt ttaaaaggca 540
tcaaagactt aaaaaagatt caactcaagc tgaagaagat cttagtggagc aagaacaaaa 600
tcagcttaat gtcctcaaaa agcatggtta tgcgttagga agagttggaa ggacattctt 660

```

```

gtattcagaa gaacagaagg ataacattcc ctttgagttt ga'gctgatt cacttgccct 720
tgacatggaa aatgaccctg ttatgggtac acacaaatcc accaaacaag tagaattgac 780
tgacacaagat gtgaaagatg cccactgggt ttatgacacc cctggaatta caaaagaaaa 840
5 ttgtatttta aatcttctaa cagaaaaaga agtaaatatt gttttgccaa cacagtccat 900
tgttccaaga acttttgtgc ttaaacaggg aatggttctg tttttgggtg ctataggccg 960
catagatttc ctgcaggga atcagtcagc ttggtttaca gtcgtggctt ccaacatcct1020
ccctgtgcat atcacctcct tggacagggc agacgctctg tatcagaagc atgcagggtca1080
tacgttactc cagattccaa tgggtggaaa agaacgaatg ggcaggattt cctcctcttg1140
10 ttgctgaaga cattaatgtt taaaagaaag gactgggggc aacctggaag cagtggggccg1200
acatcaaagt ttcctctgca ggtaatttta tgccaagcac tttttaaaaa gt 1252

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 695 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

45

```

tgttcattgc ctctgagcg tagtccagtt actttcaggc tcggggagtg aaggcctcgt 60
tgagagaagg totcattcgg tgttttgga agagagtcgt gtgggcccag gtatcgtagc120
ggcgacacga gagagacggg cggtgtgaca gccttcact acctgcacga gtgtattggt180
50 ctgtctgcta tcagctatgc cgctgccgtg tgcgctgcag acccgcttg ccaagagagg240
catcctcaaa catctggagc ctgaaccaga ggaagagatc attgccgagg actatgacga300
tgatcctgtg gactacgagg ccaccagggt ggagggccta ccaccaagct ggtacaaggt360
gttcgaccct tccctgcggc tcccttacta ctggaatgca gacacagacc ttgtatcctg420
gctctcccca catgacccca actccgtggt taccaaatcg gccagaagc tcagaagcag480
55 taatgcagat gctgaagaaa agttggaccg gagccatgac aagtcggaca ggggcatga540
caagtcggac cgcagccatg agaaactaga caggggccac gacaagtcag accggggcca600
cgacaagtcg gacagggatc gagagcgtgg ctatgacaag tccaggaacg ggattcggga660
ccgcgggtat gaccaagcag accgggaaga ggccc 695

```

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 65 (A) LÄNGE: 2514 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

cggcgacggc gcgggggcag ctgggaatcc ggaatgctgc ccgatggccc tgggtcctcg 60  
ctgtggggca atccgggctt gcagacgagt tttagaaaga gcgttttcgc tacgtaaagc 120  
acattcgata aaggatatgg aaaatacttt gcagctggtg agaaatatca tacctcctct 180  
gtcttccaca aagcacaaag ggcaagatgg aagaataggc gtagttggag gctgtcagga 240  
gtacactgga gccccatatt ttgcagcaat ctcagctctc aaagtgtgac agccccaatg 300  
ctgttcatga ggtggagaag tggctgcccc ggctgcatgc tcttgcgta ggacctggct 360  
tgggtagaga tgatgcgctt ctcagaaatg tccagggcct tttggaagtg tcaaaggcca 420  
gggacatccc tgttgcctc gacgcggtga gttgacttct ctcctcctgg ctcggaactc 480  
cggaaggcct gtgcagtga cagggctcct tgttctgtgc aggatggcct gtggtaggtc 540  
gctcagcagc cgccctcat ccatggctac cggaaggctg tgctcactcc caaccacgtg 600  
gagttcagca gactgtatga cgctgtgctc agaggcccta tggacagcga tgacagccat 660  
ggatctgtgc taagactcag ccaagccctg ggcaacgtga cgggtggtcca gaaaggagag 720  
cgcgacatcc tctccaacgg ccagcaggtg cttgtgtgca gccaggaagg cagcagccgc 780  
aggtgtggag ggcaagggga cctcctgtcg ggctcctgg gcgtcctggt acactgggcg 840  
ctccttgctg gaccacagaa aacaaatggg tccagccctc tcctgggtggc cgcgtttggc 900  
gctgctctc tcaccaggca gtgcaaccac caagccttcc agaagcacgg tcgctccacc 960  
accacctccg acatgatcgc cgagggtggg gccgccttca gcaagctctt tgaacctga 1020  
gcccgcgcag accagaagta aacaggcacc ttggacgggg gagagcgtgt gtgtgatggg 1080  
aaaaatcggg cccacgcgtg tgcgaaggc gtacggtgct tgccagattt tcaacttgag 1140  
cataaattgg ttgccattga gaatttaaga atctggaata ttgcagcttt tggttaaact 1200  
taatgcctgg ttggagatgt tatggcgaca ctaaacaag tatctctgaa ctttccttag 1260  
ctccttggtg gtaactggga agacagaaat gaagaaatc acatgagaat gaagaattct 1320  
ttagcagctc aacagagttt ctcggcctgc tcccagatcg gcgaagtctt tacttgttac 1380  
tctctctgcc ggccgcttcc gttcctcctc tgettcctct ccctagtctt tctccggca 1440  
gggagctggg caggggtccc cgggtgtctc cctgagtcct gactgcactg actgggtcca 1500  
tcagagggct gcttcgttct ccagctcctc ttcttttaa g\*ggtgacta gcttggtgg 1560  
atctggctgc tgggtgtttg cttattgaca tactccaggg taatcaatga tgactttgt 1620  
tggaaccctt ttggaggca ccatgggaac agaaggaaac atgagtgaac ctgacctgt 1680  
agtgtgtggg tggggagctc tgagacgcct cctgtccac gctctcgggt gtccgtgt 1740  
acacaggggt ccccatgata cccaccggcc ccagcagggc agaccggacc ggggacgggc 1800  
acgggtgaag gctgcagcct ggggtctgac gtggcccta gtgctgtctc aggagaaggc 1860  
tctggaggac ttgaggcatg ctgggcctgg tgcaagtatg gcgctaagga gaccgggga 1920  
aagacagtat cgtggtcacg tatgcttagg aagcagcaca gccgtgtcct tagggatgt 1980  
cgcgctcagt aaagacactg gtaactgcgg ttccagccaa cactcttcat ggcagtgtcg 2040  
acctcgggtt agcttctgtt gtctttgtgg atggttttcc tggagcggcc tgacgttgac 2100  
gtgttctctg gtcccatgtc ttagcggggc atggtacggt ttcgtgcctg acgcgtgcat 2160  
taggggtgtc tcttatactt tcagtagcat cttccacag caagggccaa accctcctgg 2220  
ttcccttcag agtctttttg gcctgatgat gactcttgag tgataacctg tgatgcagac 2280  
atgccccaga tggattctac tttctttaaa actagggaact ttcaagatta aaaaaagat 2340  
tgtcactact aatttgacgc ctaacttcag aagcttcaact gtctacatgt gaacttttcc 2400  
agaaaaactg tgccatggac atttttcctc tggggaatta acatctaaat tctggtaact 2460  
attaaaagac agatctgggtt aattttaaaa aaaaaaataa aaaaaataa aaaa 2514

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 274 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 10 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA  
 15
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN  
 20
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:  
 25
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library  
 30
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

35 cagagatctg ctgtgattat tccttttcac aaaccacaat gactctggaa aacctggctg 60  
 taaacaccag cactgccacc agctaaggat ctgtgatcag gactgccatc tcacggtaac120  
 aggcagaaga caaaagtga accgggctga tgcaaatcac tgggaaactg gctttggcac180  
 ctccagagaa tgaactgttt catagcctag ctgaccatcc atgaaaatgg ctgcctggag240  
 aggcagtgat cagcccatc cctgcaaggat gaag 274  
 40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 449 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 50 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA  
 55
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN  
 60
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:  
 65
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# DE 198 17 948 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

```

cgggttttagc ggcagctctt cgggattggt tccattgcc cctaaccgt gctggcctat 60
gaacgggtaca ttccgctggg ccatgccaga gtgatcaatt ttccctgggc ctggagggcc120
attacctaca tctggctcta ctactggcg tgggcaggag cacctctcct gggatggaac180
aggtacatcc tggacgtaca cggactaggc tgcactgtgg actggaaatc caaggatgcc240
aacgattcct cctttgtgct tttcttattt cttggctgcc tgggtgtgcc cctgggtgtc300
atagcccatt gctatggcca tattctatat ttccattoga atgcttcgtt ggtgtggaag360
atcttcagac aattcaagt atcaagatt taaaatatga aaagaaactg gccaaaatgt420
gcttttaatg atattcacct tcctggctcg
449

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 346 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

```

atataacatc tgaattggga gatagctcat tgtggcctgg gtgctggact ttatcatatta 60
agtccgtgtc tagccaaggg agaagaatgt aaggataaga ccaccaatat cacaggggct120
gtctgagcct ttacctgtga ttttgtacca ctctgtggcc ttctggagca atggacaacc180
aagtcagcta tgcagttcat aaaagtggac ctggttatat gtcaccaac agcatatggt240
ccctgcaagc ctgttttggg agccaatatt ctataaccta caggaatcca cttgaatctg300
atgtcttttg aagcaatata ttttcccagg gttccaatgg actacg
346

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1329 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

20 ccccatca gttcgaatct ctgcagtgag agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60  
 gtctcagaga gtacccacgt gctccagccc ttctctccca gcatccttga tggcttaatt 120  
 cacctagcag ccaggttcag ctccagaggtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcatac 180  
 gtttgtacag tagaccocga attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc 240  
 atcgccattt tcctaaagta cagtaatgat cccgtcgtcg cctcactggc tcaggacatc 300  
 25 ttcaaggagc tgtccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc 360  
 actctggtca gcataatgca ggcccagca gacaagattc ctgcagggtt ttgtgcgaca 420  
 ccattgatat cctgacaaca gtagtacgaa atacaaagcc tcccccttcc cagcttctca 480  
 tctgccaaagc tttccctgct gtggcacagt gtacccttca cacagatgac aatgccatca 540  
 gtgcagaatg gggagagtg cttgcgggcc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc 600  
 30 cagtggcatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag 660  
 ctctggacc cccgcacctc agagttcact gggcctttg tgggcccctc tgtttccacc 720  
 ctcatctcca aggcaggcg ggaactcggg gagaatctag accagattct tcgtgccatc 780  
 ctcaagtaaga tgcagcaggc agagacgctc agtgtcatgc agtccctgat catggtgttc 840  
 35 gctcatctgg tgcacactca gctagaacct ctcttgaggt tcctgtgtag cctcccagga 900  
 cctactggca aacctgctct agagtttgtg atggctgagt ggacaagccg acagcacctg 960  
 ttctatggac agtatgaagg caaagtcagc tctgtggcac tctgtaagct gctccagcat 1020  
 ggcatcaatg cagatgacaa acggctacag gatatccgtg tgaagggaga ggagatctac 1080  
 agcatggatg agggcatccg caccgctct aagtcagcca aaaaccaga acgctggaca 1140  
 40 aacattcctt tgcgtggtcaa gatcctaaag ctgatcatca acgagctctc caacgtcatg 1200  
 ggaggctaata gccgctccgc caggccactc ctgcagagtg ggagtcagg gtgcacgaag 1260  
 gcccttact tcccaggaag acttttagcc tgggcagatc aagttacaaa ttgtcaaat 1320  
 atccaggaa 1329

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 805 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

```

gccccatca gttcgaattt ctgcagtga agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
gtctcagaga gtacccacgt gctccagccc ttctctccca gcatccttga tggcttaatt120
cacctagcag ccaggttcag ctgagaggct ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcatc180
gtttgtacag tagaccccga attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc240
atcgccattt tcctaaagta cagtaatgat cccgtcgtcg cctcactggc tcaggacatc300
ttcaaggagc tgtcccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc360
actctggatc gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggct ttgtgagaca420
cccattgata tcctgacaac agtagtacga aatacaaagc ctcccccttc ccagcttctc480
atctgccaag ctttccctgc tgtggcacag tgtacccttc acacagatga caatgccacc540
atgcagaatg gcggagagtg cttgcgggcc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc600
cagtggcatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag660
ctcctggacc ccgcacctc agagttcact gcggcctttg tgggccgcct ttgtttccac720
cctcatctcc aaggcagggc gggaactcgg ggagaatcta gaccagattt ctctgtgcca780
tccttcagtt aagatggcag gaggt 805

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 420 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

```

accaggtcaa gctcacccca aactattacc ttgatgcat gtgtgtgcat accctgtgga 60
gatctccaaa gtcaaaagca actgtcagac tcagagaagt atctgtgccc ctttaagata120
aaaggctccc cctatcaaga ccctgttcc ttaacgaatg caggaaaaca ggtctgcat180
agctggaatg aggtggtgtg gacaactgaa tatcaaggct ggacctcgtc aaccggtggt240
tgtatgtcct taaaaccata cattcacttc actaaagaaa gtaccccca taattgccag300
tataaccaat gtaatccagt gcaatttct attctcttc caacttctac tgaccctaaa360
cctactttaa gttgcggtat atggcatggg agccgaaata gcaggggcac atcttattgg420

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:



## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2143 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

```

30 cggcgcgcct tttttttttt ttttttaagt tgaacagaac attttatttc tcagcaattc 60
 tatgcgtaca aattaaacat gagatgaata gagactttat tgagaaagca agagaaaatt 120
 cctatcaacc ccaaggagga ctcaaagtga ggctggaaga ggacttagaa gagtatgaaa 180
 gtactctaag attttatcta agttgccttt tctgggtggg aaagttaaac cttagtgtact 240
35 aaggacatca catatgaaga atgtttaagt tggaggtggc aacgtgaatt gcaaacaggg 300
 cctgcttcag tgactgtgtg cctgtagtcc cagctactcg ggagtctgtg tgaggccagg 360
 ggtgccagcg caccagctag atgctctgta acttctaggc cccattttcc cctctgaaaa 420
 taagagggtt ggatcaaacg atctctgggg ccttagcatc tcaaatcctg tggatcctcc 480
40 tacttacccc ttagagagcc ttactgggaa gtcagtcatt aatgatgtgg ccagttattt 540
 gcaagtggta agagcctatt taccataaat aatactaaga accaactcaa gtcaaacctt 600
 aatgccattg ttattgtgaa ttaggattaa gtagtaattt tcaaaattca cattaacttg 660
 attttaaat cagttttgtg agtcatttac cacaagctaa atgtgtacac tatgataaaa 720
 acaaccattg tattcctgtt tttctaaaca gtccctaatt ctaacactgt atatatcctt 780
45 cgacatcaat gaactttgtt ttcttttact ccagtaataa agtaggcaca gatctgtcca 840
 caacaaactt gccctctcat gccttgccct tcaccatgct ctgctccagg tcagcccccct 900
 tttggcctgt ttgttttgtc aaaaacctaa tctgcttctt gcttttcttg gtaatatata 960
 tttagggaag atgttgcttt gccacacac gaagcaaagt aaataaagac cacaatgtt1020
 caaattctaa gccacttaat agcgttttgt acattaaaaa tgacaagggt tattatacaa1080
50 gtagcctttt aaaaaattct cacacagaac agctttgtat ttagacttaa agctgttgct1140
 actttgctag tgacgtttgt gttaacagtc agtgctctag gacattgatt gattgattgt1200
 cagaatcaga agtgactaca caagagcatt agccagactt ttcagtgaga acaggtaaca1260
 ggctggcacc agcacttggg acagcacgtg gacaggacga cggaacccag agttctctgt1320
 ctctccttca cagcagatgg actcttctat aggtggctgt taattttacac aaagttatat1380
55 tccagaatca ggaagccccg tgtcgccaac acttgaagga gaactatgtt ccagttttgg1440
 tgttgaactt ctacagaaat acctactacc aaaaattgtg acaccttatt agacacttcc1500
 aaagtacccc ccaaaagctg tttaaaagac cattccattt tttcctacac aaagtgcata1560
 ctaaaatttc acaataatca tcttcagatg tacattttat ttagtacatt tcacagtttt1620
60 cagtattcag tccctcatga acattttata gtcactctct cggccctgtt gtgaaatatg1680
 tgattccagt tcaattcaga gtgtatgatt ccgcttttca cgctgatcaa gtaaaattat1740
 ggtgtctctt ttctgatctt caacattaaa aacatctatg tttctgtcat tccctgccag1800
 ggctgcttgc ttgtctgtct cagattctgc ttcattttca tccatgttgt agtcatcttc1860
 tcctctcagt ttctgctggt ttctcccttc cccggcagct tcctgctcct cctcctgtcc1920
65 gtcgggggatg acaagctggt ctgcctcagg gccctccatc tctggatttt cctggctcac1980
 tgacagggca gctgcacct gtgggggtct gccagttct cgggctcccc cgaagcctct2040
 tccacctaca ggtctgtctt caacacctgc tcccgccctg gctcctgcgg cagcctgtcc2100
 ctctgagggt ccgatcaaca ctgatctcat ggttcccttc cca 2143

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 450 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

```

tttttttaaa gccagctttt cttcagattt ttttgggtggg caggtcgtga aagacaggtg 60
aggaagtaga tcttgggctc agcatgcctc taaaagtata atttcttttt tttaatgtgg120
aaagaaatgc ataactctgt ttctgttctt gtccccctct ctgcctctgt ggtgcctgag180
atactgggga tcccacagct ggggccactc agaggctacc aggaacgctt ccagtttgca240
tctggctgtt agtgccagga ccagaaaccc acagacctct tcacagacct cctgaccgtg300
atgtccctga agcctggaag gtgtccacac aatgaagcag aattgagtga tgggggtgtt360
tgtggaaccc agtgaaactg tggttaacaca gtggaactgt gttaatTTTg agtggaagtt420
caagttccgt ggagttcatt gggcccgttt 450

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 408 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

```

10 tgcaactgtg caccagctt gccagatttt tccccattac acccccagtg tggcatatcc 60
 ttggtcccca gaggcacacc ccttgatctg tggacctcca ggccctggaca agaggctgct120
 accagaaaacc ccaggcccct gttactcaaa ttcacagcca gtgtggttgt gcctgactcc180
 tcgccagccc ctggaaccac atccacctgg ggaggggcct tctgaatgga gttctgacac240
 cgcagagggc aggccatgcc cttatccgca ctgccagggtg ctgtcggccc agcctggctc300
 agaggaggaa ctcgaggagc tgtgtgaaca ggctgtgtga gatgttcagg gctagtcca360
15 accaagagtg tgctccagat gtgttggggc cctaacttgg cacagagt 408

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 311 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 40 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

```

 tacagttttt atcagtgatc acattttagt gtaatacatg aaactgaggc ttgatagaaa 60
 acaggagaga aggcctgagt gcatggggta catagggaga tgagggcaag catcaccaag120
50 gagcggcagt gagatagacg ctctcatgga ctgctgcttt acaacctccc tggagagcaa180
 tttaaaaata tgaatcaaga tccttttgat ccactaatca tccagaaatc tacacagaaa240
 tatgcacaaa aatatgtggg catccattga cttccaacc tcttctcttt ccagggggaa300
 tattccttaa a 311

```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

60 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 487 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 65 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

```
gtcttttgaa atctgtttcc actacagcta tggtaagtc tatcagccgg tgctaccagg 60
agtcactgcc agggctgcc ttctctgaa cccagtgcc cagaatcata agccctgacc120
ccatccctag aaagatgagg tcccagcaat ggccagagca tttctacca gttctgtgag180
atagcacata aaaatagagt tctttgggca aaacttttgg gaagcaatgc atcctacatg240
ggctgatatt cagcctgagc tgtctcaag aggagagtgg tactggcagt ttatggctga300
aatccattct gattgggttg agtctatgct ataccagttg ttaaaccatt tgagtatcac360
tcttgcatat tggtactatt atatttctc tatatataga cagaaaggcc attttttagga420
tattaaaggc tctgaaaatt tctgcagtag acccaactga aggttctatt aaggcagggt480
tcctaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1902 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

```
gaggaaaaag aacaatgaac agcaacgata ttgactgtgc aactcagaca ttctgcaga 60
aaagacatat gttgctttac aagaaggcca aagaactatg gggccttccc agcatttgac 120
tggtcattgc atagaatgaa ttaaatatcc agttacttga atgggtataa cgcatgaatg 180
tgtgatttta ttaggggcat ctgccaattc tctcactgtg gttccttctc tgactttgcc 240
tggtcatcat ctaaggaggc tagatccttc gctgacttca ccattcctca aacctgtaag 300
tttctcactt cttccaaatt ggctttggct ctttcttcaa cctttccatt caagagcaat 360
```

ctttgctaag gagtaagtga atgtgaagag taccaccttc aacaattcta cagacaatta 420  
 gtggattgtg ttgtttgttg agagtgaagg tttcttgcca tctggtgcct gattaaggcc 460  
 tgagtattaa gtctcagca tatctctcta ttgtcttgac ttgagtttg tgcattttct 540  
 5 atgtgctggt cgtgacttgg agaacttaaa gtaatcgagc tatgccaact tggggtggta 600  
 acagagtact tcccaccaca gtgttgaaag ggagagcaaa gtcttatgga taaacctctc 660  
 tttcttttgg ggacacatgg ctctcacttg agaagctcac ctgtgctgaa tgtccacatg 720  
 gtcactaaac atgttatcct taaaccccc gtatgcctga gttgaaaggg ctctctctta 780  
 ttaggttttc atgggaacat gaggcagcaa atctattgct aagactttac caggctcaaa 840  
 10 tcatctgagg ctgatatagata tttgacttgg taagacttaa gtaaggctct ggctcccagg 900  
 ggcataagca acagtttctt gaatgtgcca tctgagaagg gagaccagg ttgtgagttt 960  
 tctttgaac acattggtct tttctcaaag ttcctgcctt gctagactgt tagctctttg 1020  
 aggacagga ctatgtctta tcaatcacta ttattttcct gttacctagc atgggacaag 1080  
 15 tacacaacac atatttgtgt agtcttctaa aagactcctc tgattgggag accatatctat 1140  
 taattgggat gtgaatcatt tcttcagtgg aataagagca caacggcaca accttcaagg 1200  
 acatattatc tactatgaac attttactgt gagactcttt attttgcctt ctacttgcgc 1260  
 tgaaatgaaa ccaaacacagg ccgttggtt ccacaagtca atatatgttg gatgaggatt 1320  
 ctgttgctt attgggaact gtgagactta tctggtatga gaagccagta ataaaccttt 1380  
 20 gacctgttt aaccaatgaa gattatgaat atgttaatat gatgtaaatt gctatttaag 1440  
 tgtaaagcag ttctaagttt tagtatgttg gggattggtt tttattattt ttttctttt 1500  
 tgaaaaatac tgagggatct tttgataaag ttagtaatgc atgttagatt ttagttttgc 1560  
 aagcatgttg tttttcaaat atatcaagta tagaaaaagg taaaacagtt aagaaggaag 1620  
 gcaattatat tattcttctg tagttaagca aacacttggt gagtgcctgc tatgtccacg 1680  
 25 gcatgggcc atagtgtga ggagcttgc taattatgta ggaagcaata gatctcggt 1740  
 gttacgtatt gggcagatac ttactgtatg aatgaaagaa catcacagta atcacaatat 1800  
 cagagctgag ttatccccag ttagcttctg ttggggatc cagtttctgg gaacgagagt 1860  
 tagggccatt ttatttaaaa gaaactccc gttgagaccg gt 1902

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1048 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

ctcaaccgtcgt tctacaccgt gttctacgcg ctgctcttcg tgttcatcta cgtgcagctc 60  
 tggctggtgc tgcgttaccg ccacaagcgg ctacagctacc agagcgtctt cctctttctc 120  
 65 tgcctcttct gggcctcccg gcggaccgtc ctctctctct tctacttcaa agacttcgtg 180  
 gcggccaatt cgtcagccc ctctgtcttc tggctgctct actgcttccc tgtgtgcctg 240  
 cagtttttca cctcacgct gatgaacttg tacttcacgc aggtgatttt caaagccaag 300  
 tcaaaatatt ctccagaatt actcaaatc cggttgcccc tctacctggc ctccctcttc 360

# DE 198 17 948 A 1

```

atcagccttg ttttctgtt ggtgaattta acctgtgttg tgnrtgtaza gacgagaaa 420
tgggagagga aggttatcgt ctctgtgcga gtggccatta atgacacgct cttcgtgcty 480
tgtgocgtct ctctctccat ctgtctctac aaaatctcta agatgtcctt agccaacatt 540
tacttgaggt ccaagggtct ctccgtgtgt caagtgtact ccacgtgtgt caccgtgata 600
ctgctttaca cctctcgggc ctgctacaac ctgttcatcc tgtcattttc tcagaacaag 660
agcgtccatt cctttgatta tgactggtac aatgtatcag accaggcaga tttgaagaat 720
cagctgggag atgctggata cgtattattt ggagtgggtg tatttgtttg ggaactctta 780
cctaccacct tagtcgttta tttcttccga gttagaaatc ctacaaagga ccttaccac 840
cctggaatgg tccccagcca tggattcagt cccagatctt tatttctttg acaaccctcg 900
aagatatgac agtgatgatg accttgcttg gaacattgcc cctcagggac ttcagggaag 960
gttttgcctc agattactat gagtgggga caacaaacta acagcttctt ggcagaagca 1020
gggacttttg aaagcctcaa agtttgga 1048

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 804 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

```

gccccatca gttcgaattt ctgcagtga agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
gtctcagaga gtacccacgt gctccagccc ttcctcccca gcatccttga tggcttaatt 120
cacctagcag cccagttcag ctccagaggtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcatt 180
gtttgtacag tagaccocga attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc 240
atcgccattt tcctaaagta cagtaatgat ccgctcgtcg cctcactggc tcaggacatc 300
ttcaaggagc tgtccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc 360
actctggtca gcataatgca ggccccagca gacaagatc ctgcagggtt ttgtgcgaca 420
gccattgata tcctgacaac agtagtacga aatacaaaagc ctccctttc ccagcttctc 480
atctgccaa gtttccctgc tgtggcacag tgtacccttc acacagatga caatgccacc 540
atgcagaatg gcggagagtg cttgcggggc tatgtgtcag tgacctgga acaagttagc 600
cagtggcatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag 660
ctcctggacc cccgcacctc agagttcact gcggcctttg tgggcgctt tgtttccacc 720
ctcatctcca aggcaggggc ggaactcggg gagaatctag accagatttc ttcgtgcat 780
ccttcagtta agatggcagg aggt 804

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 581 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

30 tctttgatca gatttagtgt cttaggtaat taaatcagaa agtctattta gctattctag 60  
aagtgtatgt gtaggtattg ggtggttggg gttctttgag cgaacttgct agaaactcca120  
ttcttaacat cagaatcagg gcaggattga aaacattgtg gctggatctt gaaattgcta180  
taacatctat tgcagaaaat gataggtcag atggatagca ataataatta tatatcagat240  
cttagtaaca aaattaccaa gctttatcta gtggatata gtaaaagaat atttttaaat300  
gtccagcatt gatgtatttt ctttaagaat tattacagta tataagcatt ctttgggaat360  
acagtataaa aacataaatt ttttcgtatt ttaattttt tttatttttt tggccaagga420  
35 tgaatcctcc cctgtaaaat attgattttc gcctaaattt cgggggtttcc ctggcacata480  
atagcactgg ccccaacttc ggagatggcg gatgcgggta aaaagccaaa aggatggatg540  
gggatccgga aatacgtggt ggaatggaag cgaatccaat a 581

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 2042 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

65 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

# DE 198 17 948 A 1

```

tggagatatt agtcagtttc tttagtata tttgtttcct tgatgtgcct ttttgttttt 60
ctttgggggt tttggaatcc ggatgctgtt gaagggcaat agcagactcc tccagctaag 120
agacaggaca tgttcttgag ccaactgtagc tgttgaagct ggacaccaga cgctccctat 180
aacccccccg ccaggccata gcgtgtatgc atgtgcactt ccacccacag aggagggtgt 240
gaagccttga gaacctcaag aaagggtgtg attctgccat acccttgggt ctaccttggg 300
actgctggtt gccaacgtgt caaccagcct gtgttccctg ccacccacgc acttgctgag 360
gtgtggctga ggcagaatca tgtgaatggg tgcattcaag gatttcaggg ccctgcttgg 420
agaagaaata ctttagcatc atgaaaggga aagaacgtgc accccttttt tgtttcttta 480
gtgaatgcaa gatttaataa aagtgaataa tgagcttccc ctttgggagt ggagcccagt 540
gcagctcact gacagggttg acatcagtat gatgtgttgg actgaaactg tatgtctgta 600
ggtaggtgtg tgccttttag ggcagaccac ggtggccacc ccatttctcc aagggtggtt 660
acctagcttg tctatattag acattgccac cctcacctct ggccaaaaat tcttgattta 720
aaaagaaaag tctattttgt taacgacagg ctctgttcta tgtgttacta tcccaagcct 780
ggattatttt atttatttaa aagtatttta atttccatat tggctttatt ctaatcccat 840
ccatccctgt ggagctgcag agcatcttca tgtgagtaga cggatggaca taaatagatt 900
catgctcatt taggaagctg ggagtttctg gaagctgagg gtgagttcct gtgattcctg 960
ttcgcttcaa caaaaagtgg gagaccaagt ttttatagca aaagaccaa ttagctgtag 1020
agtcttgaat gcagaaaaaa attaccctag ctttcttagc acttagggtt ttgtgaggat 1080
tcagtgttta gcacagtgtc tggcacatag taagccctag taaatgttaa atattgttat 1140
tagtgtttcg taaaacttga gaaatagagc tgagctcatt cccttctgtg tgattcaaaa 1200
ataataccta catgaaaaca tgattccaag ttgattgaa- gttgtaggaa ttactggttt 1260
agagtagccc agttctcggc ctaccctgct ggttgggagc ttactgtatt cttgaatgca 1320
ctggtttgaa aatatgccag acttcagccc ccaaggaaac aaggctgcaa gaatttatga 1380
actccagctg gaaaaggtaa aggtgacctt tggctagcca catactggac cttacccca 1440
tgacgtcttt cagaacattc caagggtttt cctcaaggaa catttttgag ctagaaatta 1500
aaatgggttc tctggcagac tgcaccctt gagtcaaagt taacagtatt cctttgaatg 1560
caataataga ggcctttctg cgttaaggga gaaggaatga ccaattgaac ttacacattc 1620
cccaggcagg tccctttgcc ggcccctaca ggctggggtg gccctcctg tccctcaggga 1680
tcagactccc agactgggta gttctgcatg tttccatcaa attaaagggt attccctggc 1740
cgccctcctg agaaaaccaa ccccaccctg ccagctgggg gcaatggggc agggattttg 1800
gcctctcaga acagctccta gaggtgctc atgactgaat gttttcccaa atcacctaaa 1860
tatcggtttg ctttttgggt tgggggagag gatttagcct cttacttccc tgatggattc 1920
aaagttttat ctatctcctt atctcctgcc ctgtcttggc acaactctgg atagattgca 1980
ggtgtggaat ttgctggagt ttggtggctc cccaaattcc ttgatctgtc cgcaaagaga 2040
ag

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 430 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```

5 gttaaaaacc tagtattcat tttttttttt cctgtaccaa aacaatcatc ttcctttatt 60
 tttcctggag cgggaagagg agagtggaga agaagggagg aatgcaaagt gtcactttga120
 acttctcggt caccacacac gtgggagtcg actcatgtca gcagcctccg tgcacaggcc180
 ccaggtgaaa gaaagaatga ggtctagttg gaccagctaa cactgcctgc cttgtgttta240
 cgaaaggcag ctgcctctgt ggtgtgattt caggggagcc agacagggcc ggggccacga300
10 acctgcatcc tgcactcctaa gcacctatct gccatgcggt gaggtttaac ttgggaaact360
 tcaatttgct tggggtgcag attagctttc caaactattg tgatgctcat gcttgacttc420
 ccaaggactt 430

```

## 15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 592 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

```

45 aattaaaaata aatagaaaaca tacggagatt cttttatggt ggatttatta taccctccac 60
 catttttggt cctgaaaagg gaaaagatac acggctcgagt agtacaggta tgtgtttccc120
 actacacatt atggctataa tggagttgaa ttgcaaacag taaaattttg ttttggttg180
50 gtttccccctg atccccccag acaggagctt cctctcccac cctacctgcc tgcctttaag240
 ttgtgtccta ttaaactgga cacaaatctc accggctttt agtctaataa ttgaatcata300
 gctacacacg gtgacaccag aatagctact tgttttttta tgttaccagt gagtaacttg360
 tttatccttg tatgtagaaa ctaatttcac catgacaca gatctgtgta acatctctag420
 tttgaatttc cacacaattt taaaatgtct actaggaaaa cttacacctt tttgttccaa480
55 ggggtgctct catctattaa aaccgtgggg gcatacttcc agtggttgcct ctgagggcca540
 aattttgtgg gtcgtggggg acaattttgt attaacatac gttattttgt aa 592

```

## 60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 674 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

# DE 198 17 948 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

```
aaggccgcgc aagtgcactt gcggtgtcacc gttaccgtag cgactgggct tctggactgt 60
atatcctagc tgccttgtca acatcttcga gcatcggcag ctccggaggc cggggtaact120
ggcagcaggt aggaaactat gtgaaagaat ctctgatgt cataatttcc ggggtgcacc180
ggaacatttg atcatcattc ctttggaat tccagccttc tgtggaaagg ccagtagaaa240
gcattgattt attcacctct acaggaatca gactcagcct cttttggttt tcagtgaagt300
atgccttttc aatttggaac ccagccaagg aggtttccag tggaggagg agattcttca360
attgagctgg aacctgggct gagctccagt gctgcctgta atgggaagga gatgtacca420
accaggcaac tccggagggt ccctggaagt cattgcctga caataactga tgttcccgtc480
actgtttatg caacaacgag aaagccacct gcacaaagca gcaaggaaat gcacctaata540
tagaccattt aagtcttttg tcaaggtctg actaggtcaa gggtaatgga ccagtatcat600
ctggtgatct ggtaacaaa taaaagtggg ggcaccttta gatgatgaaa aaaaaaaaaa660
aaaaaaaaaa aaaa 674
```

25

30

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 324 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

gttctttttca ttccatcact ttaggtgatg ggtaagattt ttgaaagcct tatatttttt 60  
 gatttttggtg tctagtttaa tcctaccttt aatagttgtg tttggtaaaa ttccacttg120  
 aatgtgacac tgataataat tatgctgatt tttagcatct cttataggaa tcaaagttta180  
 5 ttaaagtac atagaggatt gaaaaatga tatcactcaa tttttatcta aggagggata240  
 gggatataaag ggaggtacct aaatagctca aataatggat ataatccttt tttccataac300  
 catttgggat gctttaaggc aatt 324

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 15 (A) LÄNGE: 709 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

- 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 30 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

ggatgcgga ctataacatc cccgtcagag tgtgtgagga gaccagtcta tgagagacgc 60  
 atgctcctga cagcctggcg acgtggcgaa gatgcacagg tggctcctgg gcttgggctg120  
 45 cagggtttggg ggtctctaag aacaatctct gagaagaacc cttgggcccc tgggagccaa180  
 gttggacagg atgtcctgaa gactagcttt tgataagaga aattaaccaa gtctttcccc240  
 tcatctatga tgcaatatat ttcagtggg gccttcagag cacacctgtt ggacggtgca300  
 aaccatatct tctccagaag gcaaataact ttgtatcaga ggaaactcag ttttggagag360  
 gaatatgttc tttatatctc aaatcaaaac tctctctaag ggtaaactgg cttctaattt420  
 50 ttttaagtac agtatttttt tttccctttt agtagtaacg gytttctata gatcttcccta480  
 tacagtctgc ttaactcag gaccttgaga ttatgagact gacgtgctgc ccactgcact540  
 gagggggctt ctaacagtct gctttaagtg gtataattct gggatagatc tgttactggc600  
 atagtcatga caacctctgg taatcttacc ttctcctttt tatgaaggga agagcaatgg660  
 55 tttggactta catctaaatt aaggctatct taagcagatt gttttgcaa 709

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- 60 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 562 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 65 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

# DE 198 17 948 A 1

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

20

```
gtccagatgg aatgactccc atcctctcct catctcccct ttgacgagcc tcaaaactgct 60
cagctcatca aagagccatt gccaaacttc gtatgtggtt ctgggtccca gggagccttg120
gaacctggca ccctggggtg gtttaattcc ggcacgagag cattcctgct tctcaaggga180
cacagtggcc tgcattggcc agcatggacc ctgggctgat catgtgcatt cctgcttctc240
tggggacaca gtgggcccac atgggcccagc atggaccctg ggctagagca agcacatctc300
catctcttcc acctcaggca gtgtggctcc agatgtcagg agggactgac ctcaggacct360
tccaggttcc tctgtgccag gaatgagagg ccaggcccga tcctaccacc tcgccttgac420
cctgaagtca gagcaggcca gccaaagcagg aagcacactg ttttaatttt tgcattgaaa480
gtaaatgtgt actttgatag ggttaaaata tggctctttt taagttgctc aaccccataa540
tttgagccat tgccttgctt aa 562
```

25

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1948 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

55

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

60

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

```
gatcaccaag acacacaaag tagaccttgg gctcccagag aagaaaaaga agaagaaagt 60
ggtcaaagaa ccagagactc gatactcagt tttaaacaat gatgattact ttgctgatgt 120
ttctccttta agagctacat cccctcttaa gagtgtggcc catgggcagg cacctgagat 180
gcctctagtg aagaaaaaga agaagaaaaa gaagggtgtc agcacccttt gcgaggagca 240
```

65

tgtagaacct gagaccacgc tgccctgctag acggacacag aagtaccaca gctcccgaa 300  
 gcaggtgttt ggccacttgc agttcctcag tggggaaaaa aaaaaaaaga agtcacctct 350  
 agccatgtcc catgcctctc ggggtgaaaa ctccccagac cctagacagg gtgaggagga 420  
 5 aaccagagtt ggcaagaagc tcaaaaaaca caagaaggaa aaaaagggg cccaggaccc 480  
 cacagccttc tcggtccagc acccttggtt ctgtgaggcc agggaggcca gggatgttg 540  
 ggacacttgc tcagtgggga agaaggatga ggaacaggca gccttggcgc agaaacggaa 600  
 gcggaagaac cccagagaac acaatgggaa ggtgaagaag aaaaaaaaaa tccaccagga 660  
 gggagatgcc ctcccaggcc actccaagcc ctccaggctc atggagagca gccctaggaa 720  
 10 aggaagttaa aagaagccag tcaagttga ggctccggaa tacaacccca taagtatga 780  
 ccctaaggcc tccgcaaga aaaagatgaa gtccaaaaa aggttagagc agccagtcac 840  
 cgaggagcca gctctgaaa ggaagaaaa gaaggagaga gagagtggg tagcaggaga 900  
 cccttggaag gaggaacag acacggactt agaggtggtg ttggaaaaa aaggcaacat 960  
 15 ggatgaggcg cacatagacc aggtgaggcg aaaggcctg caagaagaga tcgatcgca 1020  
 gtcaggcaaa acggaagctt ctgaaaccag gaagtggacg ggaaccagc ttggccagt 1080  
 ggatactgct ggttttgaga acgaggacca aaaactgaaa ttctcagac ttatgggtg 1140  
 cttcaaaaac ctgtccctt cgttcagccg ccccgccagc acgattgcaa ggccaacat 1200  
 ggccctcggc aagaagcgcg ctgacagcct gcagcagaat ctgcagcgg actacgaccg 1260  
 20 ggccatgagc tggaaagtaca gccggggagc cggcctcggc ttctccaccg cccccaaca 1320  
 gatcttttac attgacagga acgcttccaa gtcagtcaag ctggaagatt aaactctag 1380  
 gttttgtccc cccaaaactg ccacaattgc ttgtattatt ccatttatgc tggagattac 1440  
 aaattttttt tgtgaaaaaa tcagatcttg gtgaggacct cgagcagtaa gatataaata 1500  
 actcccataa gcttagcgtt ccagtaatgg aacactagc ataaatggtt tattcagtt 1560  
 25 tgcaaatgaa agccatctga cagttggctc acattgaaca cctgtggaga ttaaggacga 1620  
 ggacaactat attgatggcg ttgatgaac tggggcaggg cagctcatat ttcgggagcc 1680  
 aggagaacga gtgagtgcga aaacctcctg tttctgtgt taaacattcc gtcctgttt 1740  
 gagacatcag tatgtacagt taacttttgt tgagtgttta gcaggtaact gggacatact 1800  
 30 agtgttttcc ttaatgtatt taactttcat aattatgaaa tgggtgctat tattagcccc 1860  
 atcttataga tgaggcaact gaggttcagg gataaagtaa taaaattgcc tggggtcacc 1920  
 cagccactaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 1948

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 483 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

60 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

65 aatttatggg gtctatcttt gaccacgtga taccacttac ctgattctat gtactgatta 60  
 atgtatctaa cagttttata gtgaaagta ttttaaaaa agtatttgaa tggtcatttc 120  
 tatttttccc cctttgctgt acaagtta ttttactcat cttttgctgt acaaatatac 180

# DE 198 17 948 A 1

tttcatcaat acaataaga ggctagtttt aagtcaattt atttgcctg agcccaaga210  
 caattaaatt ctataaagta atgtattaaa atagtacac ttataaacta tttccctct300  
 tttttctct ttaaatttta agaccatcat aataaattat cattacaaag tcaaacatac360  
 tatatactac tatcagtc aa tggggaaaaa ataagtcct atgttttatg ggtaaaatgc420  
 tgtaatagat tgggattgtc caatttgcct tgaaaaaat cacagcagtt ttaggtttc480  
 cct 483

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 437 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

cccgcttgag gcgtaggggg tggcgctctc cggtcgggg cgctcccatg gcgcacatta 60  
 ccattaacca gtacctgcag caggtgtacg aagccatcga cagcagagat ggagcatctt120  
 gtgcagagtt ggtgtctttt aaacatcctc atgttgcaaa cccacgactt caaatggcct180  
 ctccagagga gaagtgtcaa caagtcttgg aacccctta tgatgaaatg ttgcagctc240  
 atttaagggtg cacttatgca gtggggaatc atgacttcat agaggcatac aagtgccaga300  
 ccgtgatagt ccaatcattc ttgcgagcat tccaggccca caaagaagaa aactgggctc360  
 tgctgtcatg tatgcagtag cgcttgacct ttcgagtgtt tgccaataat gcagttcaac420  
 cagttggtta aggaagg 437

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 359 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```

cagatctagg ggcttcagct gtgtgcagac cccatgccac ttcaggggaag tgacacaggc 60
ctgtgtcatc tcgctttggc agcaggtggg tggccttcct cagggggagga ggtggcctga120
gatgtgtttc aggtctttga cccatcactc cctacacaca cgacgtgaac accactcctg180
gagcattctc agaattggaga ttggaattcc atgtggcagc ttctcacaca caaacctgcc240
atcattcccc acacacccac tcacgacatt caacagccat gagccaaaag aagttccttg300
tttcagattt gaaggtttta tgaatccact tcttcggat gtagctcttt aatgatttt 359

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 501 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```

tcggcgtcac atcctgagtc ggcctctgac cgaggcggag cggacatgca ggctccccgc 60
ggcacccctag tcttcgccct ggtgatcgcg ctggttcccg tcggccggga accttctagc120
caaggatctc agagtgtttt acagacatat gagctgggaa gtgaaaacgt gaaagtccct180
atthttgagg aagatacacc ctctgttatg gaaattgaaa tggaagagct tgataaatgg240
atgaacagca tgaatagaaa tgccgacttt gaatgtttac ctaccttgaa ggaagagaag300
gaatcaaata acaaccgaag tgacagtga tctaaacct gaatggcgct catgttttcc360
aagagaagca gccctgagg gagtctgctg aggtcgccaa cagaggatga agaggataca420
aatttaatta atttcaaata aacatagaca caagaacct ttgctgtttc ttccaacgcc480
cactcttcct aatgatgca t

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

# DE 198 17 948 A 1

- (A) LÄNGE: 1102 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

```

cgggatctcc cgaaggaatt tacggggatt cctcggacca ttatcctcag gcaagaaaca 60
aaaccaaact tggactctcg tgcagaaaat gtagccatt accacatgta gccttggaga 120
cccaggcaag gacaagtaca cgtgtactca cagagggaga gaaagatgtg tacaaaggat 180
atgtataaat attctattta gtcactctga tatgaggagc cagtgttgca tgatgaaaag 240
atggtatgat tctacatatg taccattgtt cttgctgttt ttgtacttcc ttttcaggtc 300
atttacaatt gggagatttc agaaacattc ctttcaccat catttagaaa tggtttgcc 360
taatggagac aatagcagat cctgtagtat ttccagtaga catggccttt taatctaagg 420
gcttaagact gattagtctt agcatttact gtagttggag gatggagatg ctatgatgga 480
agcataccca ggggtggcctt tagcacagta tcagtacat ttatttgtct gccgctttta 540
aaaaataccc attggctatg ccacttgaaa acaatttgag aagttttttt gaagtttttc 600
tcactaaaat atggggcaat tgttagcctt acatgtttgt tagacttact ttaagtttgc 660
acccttgaaa tgtgtcatat caatttctgg attcataata gcaagattag caaaggataa 720
atgccgaagt cacttcattc tggacacagt tggatcaata ctgattaagt agaaaatcca 780
agctttgtct gagaactttt gtaacgtgga gagtaaaaag tatcggtttt attcctttgt 840
gatgtccttt ctgcttgaaa taacagtcac catcacagta aaggagagga gtttctttcc 900
ttctaagtag gcagaaatgg tatcattatg ttgccgctct ccaatctccc agagctcgct 960
ctctagagaa tcaccttctt tcgcgttttt tttttttttt gagggtagga gtctcactat 1020
gttgccccaa gactaggcct gggaactgtt ggggggcca ggggattgct ccgcgtccgc 1080
aggcctcccg agtaggcgg ga
1102

```

30

35

40

45

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

- (A) LÄNGE: 306 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN



(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

```

gaccaacctt ccttgccatt tatacggcat aaaacccctca atctcaccag tatggctacc 60
aaaattatag gttcacctga aacaaagtgg attgatgcaa cttctggaat ttacaactca120
gaaaaatcct caaatctatc tgtaacaact gatttctccg aaagccttca gagttcta180
attgaatcca aagaaatcaa tggaattcat gatgaaagca atgcttttga atcaaaagca240
tcttgaatcc attttttttg aaaaacctta aaaagggcga tcacaatttt tttgaacaag300
ggtcac 306

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2042 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

```

tggagatatt agtcagtttc tttagtata tttgtttcct tgatgtgcct ttttgttttt 60
ctttgggggt tttggaatcc ggatgctggt gaagggcaat agcagactcc tocagctaag 120
agacaggaca tgttcttgag ccactgtagc tgttgaagct ggacaccaga cgctccctat 180
aaccoccccg ccaggccata gegtgtatgc atgtgcactt ccaccacagc aggagggtgt 240
gaagccttga gaacctcaag aaagggtggt attctgcat acctttgggt ctaccttggg 300
actgctgggt gccaacgtgt caaccagcct gtgttccttg ccaccacgc acttgcctga 360
gtgtggctga ggcagaatca tgtgaatggg tgcacccaag gagttcaggg ccctgcttgg 420
agaagaaata ctttagcatc atgaaagggg aagaacgtgc accccttttt tgtttcttta 480
gtgaatgcaa gatttaataa aagtgaataa tgagcttccc ctttgggagt ggagcccagt 540
gcagctcact gacagggttg acatcagtat gatgtgttgg actgaaactg tatgtctgta 600
ggtaggtgtg tgccttttag ggcagaccac ggtggccacc ccatttctcc aagtggtttt 660
acctagcttg tgtatattag acattgccac cctcacctct ggccaaaaat tcttgattta 720
aaaagaaaag tctattttgt taacgacagg ctctgttcta tgtgttacta tcccaagcct 780
ggattatttt atttatttaa aagtatttta atttccatat tggctttatt ctaatcccat 840

```

# DE 198 17 948 A 1

```

ccatccctgt ggagctgcag agcatcttca tgtgagtaga cggaaggaca taaatagatt 90
catgctcatt taggaagctg ggagtttcgt gaagctgagc gtgatttctt gcgattcttg 960
ttcgcttcaa caaaaagtgg gagaccaagt ttttatagca aaagaccaa ttagctgtag1020
agtcttgaat gcagaaaaaa attaccctag ctttcttagc acttaggggt ttgtgaggat1080
tcagtgttta gcacagtgtc tggcacatag taagccctag taaatgtaa atattgttat1140
tagtgtttcg taaaacttga gaaatagagc tgagctcatt cccttctgt tgattcaaaa1200
ataataccta catgaaaaca tgattccaag ttgattgaat gttgtaggaa ttactgggtt1260
agagtagccc agttctcggc ctaccctgct ggttgggac ttactgtatt cttgaatgca1320
ctggtttgaa aatatgccag acttcagccc ccaaggaaac aaggctgcaa gaatttatga1380
actccagctg gaaaaggtaa aggtgacctt tggttagcca catactggac cttaccccac1440
tgacgtcttt cagaacattc caagggtttt cctcaaggaa cattttctg ctagaaatta1500
aaatgggttc tctggcagac tgcacctt gagtcaaagt taacagtatt cctttgaatg1560
caataataga ggcttttctg cgttaaggga gaaggaaatga ccaattgaac ttacacattc1620
cccaggcagg tccctttgcc ggccctaca ggctggggtg gccctcctg tctcagggal1680
tcagactccc agactgttta gttctgcatg ttccatcaa attaaagggt attcctcggc1740
cgctcctgag agaaaaccaa cccacccctg ccagctgggg gcaatggggc agggattttg1800
gcctctcaga acagctccta gaggtgctc atgactgaat gttttcccaa atcacctaaa1860
tatcggtttg ctttttgttt tgggggagag gatttagcct cttacttccc tgatggattc1920
aaagttttat ctatctcctt atctcctgcc ctgtcttggc acaactctgg atagattgca1980
ggtgtggaat ttgctggagt ttggtggctc cccaaattcc ttgatctgtc cgcaaagaga2040
ag
2042

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 320 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

```

aatcttttta ccatgaaatt tcttcagaa ttttccccct ttgacacaaa ttocatgcat 60
gtttcaacct tcgagactca gccaaatgtc atttctgtaa aatcttccct gagtcttcca120
agcagtaatt tgccttctcc tagagtttac ctgccatttt gtgcacattt gagttacagt180
agcatgttat ttacaaattg tgactctcct gggagtctgg gagccatata aagtggtcaa240
tagtgtttgc tgccttgaga gttgaatgac atttctctct tgttttggtt ttactgtaga300
tttcgatcat tctttggtta
320

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 506 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
20 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107
- 30 gtcgaacagc aaagccaaga cttgttaaaa aggtttgaag aggaaggacc ataacaattg 60  
aaagggggaa attataagat acagtaaatt cctcttcaaa gatttagcct gttgacttcc120  
ttattctttg ttctcaaact cgacttcctt gttgtccatg cctccttgtc cctagtact180  
gtgaacaacc ttcccaccag ttctaataca taactcacat ctgctccctt ggttaccac240  
tctgcaccca ttcttccac tgaaactgca cttcccacca ctgtaactca catccccct300  
35 cccttcctta ttgggaaaag tattcacaaa tagccaatcg ggtcaactta gaatgacgg360  
tccaaccoca gcccttgggg gagtgacaca gaggtaggga ctgtgttagg gataaaaacc420  
ttttcctttc ttgttcagt gtgctgctgt gatcatgatt gatgcaggca gcagcctttt480  
tgcagaagta aattgccttg ctgagg 506
- 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1276 Basenpaare  
45 (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- 55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 60 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 65 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:108

# DE 198 17 948 A 1

```

gcgcggccgg cgccctgcgg gcgagagggt cggggcggaagg ggaagctac gtcccggagg 60
tgccgtgtgg ggcaccgggc ggggcccggg gaaccggcgc cccacggagc tgctgctgtc 120
agaccaaccc cgggccccca tcatcactgc gccgcgcttt caggcgccga gaactaccgt 180
tcccggcatg ccatgaaatt ggcctcggcg ctgaggcggg gtccggccct ccaccgctc 240
ccgcgcgcg cgaatcgcg tgcgagcca tggaggagga ggcacgtcc ccggggcttg 300
gctgcagcaa gccgcacctg gagaagctga ccctgggcat caccgcgcat ctagaatctt 360
ccccagggtg gactgagggt accatcatag aaaagcctcc tgctgaacgt catatgattt 420
cttctggga aaaaaagaat aactgtgtga tgccgaaga tgtgaagaac ttttacctga 480
tgaccaatgg cttccacatg acatggagtg tgaagctgga tgagcacatc attccactgg 540
gaagcatggc aattaacagc atctcaaac tgactcagct caccagctct tccatgtatt 600
cacttcctaa tgcacccact ctggcagacc tggaggacga tacacatgaa gccagtgatg 660
atcagccaga gaagcctcac tttgactctc gcagtgtgat atttgagctg gattcatgca 720
atggcagtg gaaagtittg cttgtctaca aaagtgggaa accagcatta gcagaagaca 780
ctgagatctg gttcctggac agagcgttat actggcattt tctcacagac acctttactg 840
cctattaccg cctgctcacc acccacctgg gcctgcccc gtggcaatat gccttcacca 900
gctatggcat tagcccacag gccaagcaat gggtcagcat gtataaacct atcacctaca 960
acacaaacct gctcacagaa gagaccgact cctttgtgaa taagctagat cccagcaaag 1020
tgtttaagag caagaacaag atcgtaatcc caaaaaagaa agggcctgtg cagcctgcag 1080
gtggccagaa agggccctca ggaccctccg gtccctccac ttcctccact tctaaatcct 1140
cctctggctc tggggaaacc ccaccggga agttgaggca cccttccttc caatttgctt 1200
aaccagtttc caggagtggg gtgggttttt ccgtggcaca ggttggggcc ttaggggggg 1260
ttggacgttc cathtt 1276

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 373 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

```

aaatacathtt atgtttcttg aaatgtgtta agtggccttt gtcaagggtg ttataataga 60
agagtatata aaaatgaatt tctctagaga tgcagcatac tctaaagatc catcattaga 120
taattaaaaa tatgtaagtc atgctaacat ttccatatat aaatggagaa cattaactct 180
cctactgttt agttataaaa taccaaatht tgtaattatc ctatctggaa ttacactata 240
ctgcaaaaat gccagttact tcacttttaa atttgacaat gtatgtgatg aattataaaa 300
tttaatagcc tacatctttt cctccttgta tccaaatttc tccggacctt aatgctttaa 360
ccttttggtt acc 373

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 492 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 10 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA  
 15
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN  
 20
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:  
 25
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library  
 30
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

35 gtcttttgaa atctgtttcc actacagcta tggtaagtc tatcagccgg tgctaccagg 60  
 agtcactgcc agggctgccg ttctcctgaa cccagtggc cagaatcata agccctgacc120  
 ccattccctag aaagatgagg tcccagcaat ggccagagca tttctcacca gttctgtgag180  
 atagcacata aaaatagagt tctttgggca aaacttttgg gaagcaatgc atcctacatg240  
 ggctgatatt cagcctgagc tgttctcaag aggagagtgg tactggcagt ttatggctga300  
 aatccattct gattggttgg agtctatgct ataccagttg ttaaaccattt tgagtatcac360  
 40 tcttgcatatc tgttactatt atatttcctc tatatataga cagaaaggcc attttaggaa420  
 tatttaaagg gctcttgaaa attttctggc attagacca actgaagggt ctattaaggc480  
 agggttccta aa 492

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1678 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 55 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA  
 60
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 65 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

# DE 198 17 948 A 1

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

```

gcctcagcag actccttggg cggtagcagg gagatggtgc aacggcccca gcctgcacag 60
gaaccgagca ggcctggatc tgccaacccat agacacggga tatgattccc agccccagga 120
tgtcctgggc atcaggcagc tggaaaaggcc cctgcccttc acctccgtgt gttaccccca 180
ggacctcccc agacctctca ggtccaggga gttccctcag tttgaacctc agaggatatc 240
agcatgtgca cagatgctgc ctcccaatct ttccccacat gctccatgga actatcatta 300
ccattgtcct ggaagtcccg atcaccagggt gccatatggc catgactacc ctcgagcagc 360
ctaccagcaa gtgatccagc cggctctgcc tgggcagccc ctgcctggag ccagtgtgag 420
aggcctgcac cctgtgcaga aggttatcct gaattatccc agcccctggg accaagaaga 480
gaggcccgca cagagagact gtccttttcc ggggttcca aggcaccagg accagccaca 540
tcaccagcca cctaatagag ctggtgctcc tggggagtcc ttggagtgcc ctgcagagct 600
gagaccacag gttccccagc ctccgtcccc agctgctgtg cctagacccc ctgcaacccc 660
tccagccaga ggaactctaa aaacaagcaa tttgccagaa gaattgcgga aagtctttat 720
cactttattcg atggacacag ctatggagggt ggtgaaattc gtgaactttt tgttggtaaa 780
tggtttccaa actgcaattg acatatattga ggatagaatc cgaggcattg atatcattaa 840
atggatggag cgctacctta gggataagac cgtgatgata atcgtagcaa tcagccccaa 900
atacaaacag gacgtggaag gcgctgagtc gcagctggac gaggatgagc atggcttaca 960
tactaagtac attcatcgaa tgatgcagat tgagttcata aaacaaggaa gcatgaattt 1020
cagattcatc cctgtgctct tcccaaatgc taagaaggag catgtgcccc cctggcttca 1080
gaacactcat gtctacagct ggcccaagaa taaaaaaaaa atcctgctgc gctgctgag 1140
agaggaagag tatgtggctc ctccacgggg gcctctgccc acccttcagg tggttccctt 1200
gtgacaccgt tcatccccag atcactgagg ccaggccatg tttggggcct tgttctgaca 1260
gcattctggc tgaggctggt cggtagcact cctggctggt ttttttctgt tcctccccga 1320
gaagccctct ggcccccagg aaacctgttg tgcagagctc ttccccggag acctccacac 1380
acctggctt tgaagtggag tctgtgactg ctctgcattc tctgttttta aaaaaaccat 1440
tgcaagggtcc agtgctccat atgttctctc tgacagtgtg atgtgtccat tctgggcctc 1500
tcagtgttta gcaagtagat aatgtaaggg atgtggcagc aaatggaaat gactacaaac 1560
actctcctat caatcacttc aggtacttt tatgagttag ccagatgctt gtgtatcctc 1620
agaccaaaact gattcatgta caaataataa aatgtttact cttttgtaaa aaaaaaaa 1678

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 866 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

```

5 gtgcgcatga ctgccaagga ctgctccatc atgattgcac tgtctccctg tctgcaggat 60
 gccagctctg atcaaaggcc tgtgtgccct tcatcgaggt ccagggttgc cttttccgtg120
 tctgtgctgg accttgacct caagccctac gagagcattc cccatcagta taaactggac180
 ggcaagatcg tcaactatta ttcaaagact gtacgtgccca aagacaacgc cgtgatgtcg240
 actcggttca aggaaagcga agattgcaca ttagttctcc acaaggctca actctttccc300
10 tgcagtgtct ttgaaacttg aacataatgt gaaggctgaa tgatagagat attttctgtt360
 gtgttggttg acctttggtt gtgaatgttt ttgcttttaa ccccttttga ggtgggattg420
 cctcttgagg acatggaatt gaagagcact agaaacaact tcctggacaa ggaatgtagg480
 aagtgaatgc tgtgtcccag gaagctgctc acactcttaa aatggaagtg tccgttaagc540
 cctgggaaga cgttctggat agttcttctt tcccaaccag ggctcatgtc tgattctcta600
15 atgcgaaaag ccttattcta agaccaagg ttggatctg ctaccaccag actcctaaca660
 tagaaaactt gaattgtcac atacatttta cagtttggac ttttaagaaa acatggatac720
 tactgggaac ttccccagc tgagttacat gggcactttt tcagtgaag ccacatatca780
 acacagggtt ttaaggtggg tgcctggctg cacacgtgaa ccccgaggcc cccagatgc840
20 cgattctgag ccagtgtaga cccag
 866

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

25

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1434 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

```

55 gcgcggccgg cgctgcggg gcgagagggg cggggcgaag gggaagctac gtcccggagg 60
 tgcggtgtgg ggcaccgggc ggggcgcgg gaaccggcgc cccacggagc tgctgctgtc 120
 agaccaaccc cgggccccca tcatcactgc gccgcgcttt caggcgccga gaactaccgt 180
 tcccggcatg ccatgaaatt ggccctcgcg ctgagggcgg gtccggccct ccaccgctc 240
 ccgcgcgcgc cgaatcgcg tcgcgagcca tggaggagga ggcatcgtcc ccggggcttg 300
60 gctgcagcaa gccgcacctg gagaagctga cctggggcat cagcgcctc ctagaatctt 360
 cccaggtgt gactgaggtg accatcatag aaaagcctcc tgctgaacgt catatgattt 420
 ctctctggga acaaaaagaat aactgtgtga tgcctgaaga tgtgaagaac ttttacctga 480
 tgaccaatgg cttccacatg acatggagtg tgaagctgga tgagcacatc attccactgg 540
 gaagcatggc aattaaacagc atctcaaac tgactcagct caccagctc tccatgtatt 600
65 cacttcctaa tgcaccact ctggcagacc tggaggacga tacacatgaa gccagtgtg 660
 atcagccaga gaagcctcac ttgactctc gcagtgtgat atttgagctg gattcatgca 720
 atggcagtg gaaagtgtgc cttgtctaca aaagtgggaa accagcatta gcagaagaca 780
 ctgagatctg gttcctggac agagcgttat actggcattt tctcacagac acctttactg 840

```

# DE 198 17 948 A 1

```
cctattaccg cctgctcacc acccacctgg gcctgcccc gtgggaatat gccctaccca 300
gctatggcat tagccacag gccaaagcaat gggttcagcgt gtacaaacct atcaccraca 360
acacaaacct gctcacagaa gagaccgact cctttgtgaa taagctagat cccagcaaag1020
tggtttaagag caagaacaag atcgtaatcc caaaaaagaa agggcctgtg cagcctgcag1080
gtggccagaa agggccctca ggaccctccg gtccctccac ttccctccact tctaaatcct1140
cctctggctc tggaaccccc acccggaagt gagcaccct ccctcccaact ccctaccagc1200
tccagagtgg tggtttccat gcacagatgg ccctaggggt gacctccagt tttgcgtgtg1260
gaccgtaggc ctctttctag ttgaatgacc aaaattgtaa ggcttttagt cccaccgaca1320
ttagccaggc tcgtagttag gcctccagag caggttgtgc tgtccctgc ctctggaagc1380
aatggggaat gtggaatcaa gacaatgccc aaaaaatttt taatgcagct ggtc 1434
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 914 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```
ttggcagcgg ggagagggaa agaggaggaa atgggggttg aggaccatgg cttacctttc 60
ctgcctttga cccatcacac cccatttccct cctctttccc tctccccgct gccaaaaaaa120
aaaaaaaaag aaacgtttat catgaatcaa cagggtttca gtcccttatca aagagagatg180
tggaagagagc taaagaaacc accctttggt cccaactcca ctttaccat attttatgca240
acacaaacac tgtccttttg ggtccctttc ttacagatgg acctcttgag aagaattatc300
gtattccacg tttttagccc tcaggttacc aagataaata tatgtatata taacctttat360
tattgctata tctttgtgga taatacatte aggtgggtgct ggggtgattta ttataatctg420
aacctaggta tatccttttg tcttccacag tcatgttgag gtgggctccc tggatggta480
aaaagccagg tataatgtaa cttcaccoca gcctttgtac taagctcttg atagtggata540
tactctttta agtttagccc caatataggg taatggaaat ttctgcct ctgggttccc600
catttttact attaagaaga ccagtataa ttttaaatg ccaccaactc tggcttagtt660
aagtgagagt gtgaactgtg tggcaagaga gcctcacacc tcaatagggt cagagagccc720
aggccttatg ttaaaatcat gcacttgaaa agcaaacctt aatctgcaaa gacagcagca780
agcattatac ggtcatcttg aatgatccct ttgaaatttt ttttttggtt gggttggttt840
aaaatcaagc ctgaggtcgg gtggaaacag gtgcctaca caccaccaat tgggggtggt900
cccgggggaa tgtt 914
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:



- (A) LÄNGE: 685 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

```

30 gaaaatccag gggatgaagaa tagatctgtg gtggcagggg tgggaaaggc ggggaggatt 60
 tgcctactga ggggcagcac aagagaattt tgcggggcga tggatctgtc tgtatcttga120
 ccatagtgat gatacatgac tgtgcatttg tcagaactca caggactgaa tgaaaagaga180
 agtgaatttt actgcatgtg aattgttaaa ataaatgcta gacagtattt taaaaatcaa240
 gccagatccc tgcaagacat tatggctccc caccagaagg ggagagacgg ggaaagagaa300
35 gtgtccccaag agttaaccca cgttccctgg gacccacctc cctccccact gccacttccc360
 accagcctca cgcacggggc aggccttccc ctttgcagct cacagcccag cagatgttag420
 gtcagaatgc gtccctcac ttgactaaag gtttacagcc agcaggggtg gaaatgaacc480
 agatattaac accccctcct ccattgcccgt cccaccttct gggccagtag cagtgaaggc540
 aggaagccac ttctccacc cccaggctgt tcccaaagcc ctggaagaac ccaaggaaag600
40 gcaggagcca agttgggagt tgacctgat gaccaggggc cagttggccc agtttccctt660
 gtttagttgg ggggagggaa ccctt 685

```

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2646 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

# DE 198 17 948 A 1

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

```

ttaatttaaat agctttcatg tgattaaaaa tagctaacta gactcaagga ttcacaatat 60
ttaggtgtat tttcaataacc tccagaaagg aaacctcagt taatcagagg aaatagtttc 120
agtcctcatt tgagcatgtc tttccatctc aaaaaaatac tcttagtagg ttggagtgaa 180
gatagcaagg ttttgaagca tatttgtcct aatccacagt gacacttttt atcttccagg 240
agcactccta ggagggtccg tgcctaataca atgttgactg ctttgcatat ctcaagggaa 300
taaaatgaca aaagcaggga aagttacaga ttcaaacagc attttaactc atgttgatct 360
ggataattaa tcttttctaa agatgtgtag tttcttgtaa aacagtgata tcacatgatt 420
aaaettacat ttttatcaac ataattgtct ggaaaagata agccctcaa ttttctacca 480
gttgactttt attcattaga tacagaaggt gcagtattac acatcaccag ctgcctttgt 540
gaatggctca ctacacagcc attgggtgac aactgtgtgc atgggcagaa acagcaagt 600
ccctcattgt ggtcattggg tggggagtgc cttttgtcaa ggagtctgca ggaattggct 660
tatttctgta tgccaaagt atcaacacac caaagtctct gccataaaga atgtggcttc 720
cttgatcctt ccatcctgtt actctgggcc cagtaatttg atgtaactgt ctgattgtac 780
tagagacagg agtatacca gcttattcat aatcaagtaa agagactcag attagatttg 840
attttttagc ctctctaga gccaatcagg cagttaagag taataaagga aaagggtttg 900
gtcacaaaac ctaccattat ctggagatta cttcctgtct cactcctgtc ttgccatgca 960
cgtcttgccc cctcactttt gctcagccta gcagtctact tcactttatt cctttgtaag1020
tgtcaggcct cctgggctgt ctggaaaaga caggagacca ggccctctca cccctactgg1080
taacagggtc ttgctgggtg cacaagaggg aggtgatttg catcatggc atgctgcatg1140
ggcttcactg ggatgctgtt aaacaccaga ggagccaacc tatcagaatc ccagcagcaal200
aggaaaactc agatttttaga ggctttttac aataaagtag cgtaactcta ggtcatgatt1260
gattttcaaat gcctgccatg aatgatgtgt aagtaattat gtaggatcca tcaaagcagt1320
attgtaggct ttgtaattgt cccagtggat ccgggacccc atttactgt ctctctgtat1380
cgtgttaatg atgcaatcag agttcaagac aggcccatg aagtctgact gcactgggat1440
ggagaaatga atttcttccc actgaaggaa actctttctc attcgagacc aagacgggag1500
tgccactgtt cctctcttca ctctctgagt actgcttctg gaagcgggtg tcacttctct1560
tctagtacct cttctcttct ctgaagtgtg tgactatctc ctagtgttta aatttggcag1620
ttactcgcca tgtatgtcag catagaaaag gaaatgtttt taccttatct cctgtatgtal1680
tgatagaact taaaagaaat gtgcatttgt tttcatagcc ccagcagaga aaatcctctt1740
catagattaa atgtgctgct gtggacagga gggaaaaaaa aacctctac atattgaaag1800
gcaccaaagt taatatctga cactgttaag atgcccacaa gagcaaagtt gtagtggaga1860
tgacagggtc tttcccatg ccatccacag tgtttgttag tgagtccacg gctgacttgc1920
agtataaag aaaagcatgg agctgtgtct gcagacaatg gtggctgcat ctgtaagtgg1980
cttcagaggg agcagccctg gggaaattga tgggtgtggc agtggacctg tgaagaggga2040
gaatctagcc ttacagcctgt ccagtgttaa cactagaga aactgagctt tatatccttt2100
tttaattgct gtgaatttta gcatattgaa acattagagc aaatactcag gggatttttc2160
attaaacatc cctcagataa tttagctata tatcattaga aagggaagc tatcattttt2220
attttaaaac taaacaaggc catcttataa actgtcacca aagtcttccc tttttatttg2280
catgtgtgct ttgaatttca taaaacatta attcacaatg ggggtcagaa tgtactcttg2340
ttgaaacact tcttgtagca ttttatgttc atattatgtt tgagagggtg aaaatgtatg2400
agcagcttaa ctgaagtaga actattcatg atgcttttca cacattgtgg cataagatgt2460
aaagtttgta attaatgtta atttctgtgc attttaatat tttttataa ttattaatgt2520
taatttctgt gcattttaat attcttttat aattatgagc attttaataa attcattttt2580
acaaacaata aaaaaaaaaa aaaaaaagga ggaagggaag aggaagaagg aggggggaag2640
agggaag
2646

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2667 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

## hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

20

```

ttatcttgga agtctgtgta tcaaaatgaa gaattcagat ggtaggaggt tctatagtcc 60
ttttaagct gactcttgag tgtcagttga atatccatta aattggattt ggaaataaacc 120
tgaggaaagt attatgaatt cgatctgcac agatgcctct tagctgatag gtggcaggcc 180
25 tgtgggtttg gggtctccct ctttctctg gaacatatga caattccaga ttaaagaaaa 240
atgtttttta ataaataccc ttggtctttc ttctagtacac ctttgaggta gatattgtga 300
tttctggag tatagtatat ccgtgtctct gtgtcttagg ttactagat gcaataatac 360
ttctcttga catttgtact gaagtgtatt gatattaagt aaaacagtta atgtttgaat 420
ataggcatat ttataggttt ttccgctcc cccccaaccc acccttttta aaaaatctat 480
30 acaaagccct tgtttgagtc tcatcatgca catcaaatca tggagttagg tcttctctga 540
gctcagggga acacaagtgc acagagagag atgtcttgag ggtcactacc aaagaattac 600
cctcattgtc cctcactcag gccatgtgta catgcgagtc tgctgagtgt gctggggtgg 660
gtgggtggcca cgtggctccc ccagagcact tcctaactgg caagctggga gaccattac 720
35 tggtgaaact tgtggaaatt agaactgtat cttttacata atcttggcat attacatttc 780
ataataaaaa catacattta gttgcatgct acatcactat tgattttata attaatctct 840
taagcttcaa ccatgtttta taccttattt cgttacatca tatatttgta atgtgtaata 900
tgaaatcttt tgctttaatg tcttttttta aaatgtagaa tgttctaaac ttgaaaggca 960
attgaatgta gtatgatgaa aatgtgaatg ttttgcctgt ttcatgacca aagatacagg 1020
40 gctagtggac atttagaata ataattaaag ctagagtcct gtatgtcttt tctttgaagg 1080
agttcttaacc ttgtaaatg agaattgact cagagaattt tgattaagaa aacattaaaa 1140
tcttaaccgg cacaacact ccaatttttt tcaactgtgaa gccgcaagca attttttttc 1200
ttttcttttc aaaagcctgc cttctgaatt tatctctgt ttaactattt cagagagggt 1260
agtaagaag atctatttct ggtagtcata tcgcttgaaa ggtattggta aatgtgtttt 1320
45 cagtcgtgac catgtggaaa gtgaacagtg ttggcaaaca ttaccgagaa aatcatgctt 1380
ttcaagatgc ccttgctttg ggatatcctt cctagggaga aaaaaaaaaa gtagttaa 1440
aatttgaat tccatttctt atttcagttt ctgctgcagt aatgggttcc caccactat 1500
aattcccagc atttatgttc tgtgtattc tccccttagc ccagtaacat ttttatcta 1560
50 taccctatc cccaagttt gagacagatt gacccctac tcattatgtg gctctagtg 1620
aattttaaaa tgtggaatat tgggcttgca ggcagtagga gctgcaaatc tggtagagt 1680
ggagtgtgga gttaatgtg agtatgttaa taaagggaat ctgtctctga cagaatctca 1740
gtaatgttta ccaaaacatg tctttctaca gctggttaga taaatgatgc taccctgtag 1800
ctcagctaca ggctgcagt caaaactttt ttccatccag agaaagcaga attccctcct 1860
55 agtaacctca ttacaaatac tgttactaga agggcatgtg ctgtctgtca cttcagta 1920
tatttgtgcc atctcttgat gactgatgac ctggatcgag tatttctatg aagggtcttc 1980
ttaggccct tacatacgca agagggtgac tctagtcca tagctgtagt tcacagga 2040
gacaccagga gaagtatac ctagggttac tgagcagctc atcatccctg tttctgcac 2100
gtttcctgaa actggccatc agggcctctg aggcactcaa atcagtttac ttttagcat 2160
60 ccccatcag ggtgggtctc actgttagtg aggatacggg tctggttga tgttttcta 2220
ggcaaaatgc ttaagtgttc tggttatgcc attcattcat acgatgtgtg aaatttgc 2280
aaaagggaat ttcatgatt tgatttagat tagtatttaa atatctgctt tagatagca 2340
ttaattttat tgaataata aggaaaaata tgtgaatatg tgaattttt aagcctgaga 2400
gatgatagaa tgttccata ttttcttgt aaagaaaata atattttaac ttacacatcc 2460
65 tgtagaaat accacctttt ccccttgtat tacagtacaa tgtttacatt actatactgt 2520
caagctgaaa gtataaaaaa tgtacatata cattttgagt tatgtaacct ttttttaaa 2580
aaagtgccg ggctgtggca ctgggctgga catgactaaa gttgacagag gctatgctag 2640
attataatc actagtctg ggacttg 2667

```

# DE 198 17 948 A 1

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 544 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

```

catctgtgca tggatgagtg gccgactttg gagcccaggc tgttacttcc tggctctggtg 60
gtgaatcctc catagtctga gagtaagatc cttgatactg gctcagcatg gaacatctgg120
cacacagtat gcaactgagga aatacttggtt ggaataatca gtgaatcata gatgaaaact180
taaccttgga attaattatg agactgctca gaggaagaga atgggagaca aaggacctgg240
tgattagacc cccaagacac tgggctgtct gcttgtgtct cgggtggaac aggccagcg300
agagtcttta gggccagaac tcaaggaatt tattgagcca tggcaaacag gcagtaaaaca360
gcccattctg gctgctgtat tgagaagaga atgtggtgga cagatataga agcatggaaa420
cctgataggg ctattgcaat cactcagaaa agaggcgatg gcagcttgga cctgttgaag480
cagtagagtg ctttccaggg aggagaaagg acctgaaggt taatttgatc accatggggcc540
atga

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1340 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

```

gtttgatact ttcctgcact taggtttgtc ctattcttca tttattcaga ctaggataga 60
aaatTTTtTga atcagaaaat agatccagtG tttagctaca tacaatctag tacaagtGaa 120
15 tttttattct taaacatagg tgtgttggct ctttttttaa aagatgcgct ctacctgaaa 180
aggaaattgg attttagaac tggatgtggT gcagtgaagt attttaggcc caggtctgtg 240
tacacatttt atagaagaaa tgaagtactc tgaagtattt tggttgcctt ttcatttcaa 300
ctgtgttttg aatttgtcag atcacacata tattgtgtta ttgggcgctg tggtatcttt 360
tataaaacct cttgcttgtg tgcaaaagtt cctaaaagga aacacaagta atgcctatcc 420
20 attactagca tgctatgctg catgctttac tgccattgct gtatgcttta ctgtctttgt 480
aaaaatcccc ctctccccct ttctggtaac tggaaaagca tgctaaaaat agtcttatat 540
tttcacccca taagtgcaga atcagtaatt ccttggttta aagctcttat ataatcaata 600
ttattggtgg taaataccaa gtttggtatc tcatagctat ctttttttaa agaaattaaG 660
25 ttcttgaaaa tttagccaaa tcccgtttta tgggaatgct ctttagaatt catTTTgttc 720
agccccTTg tcttatggtt gagaaatctg aggccttacg aaggTTaaga gaactttccc 780
cgtgtctcac aggtaggtag aggcagagct ggaactagat atctggtctg ttgactctag 840
ctcagtgtct tctggtaact gttgaaaatt gtcttagttt gagagatggc tgaaataatg 900
aacataaaat gctatttata ataacaagta tatgtgaaat tTcttattgt aagactacta 960
30 ccggcttact gttgaatagt ttggttatag tgtttaggct agaaatgcct cccacattgg1020
taataaacat tacaaaatac aatgtatttt taggtaggca ttttataaaa tgcattatgc1080
catggttTgt tttgagatag attgtagtct gggtagcatc tttaaaatgt atgtgggctt1140
aactgttTgt catatcagga gatgctctga ttgtataggT gagactctgt ttctgttatt1200
35 ttttaattgt gtatgaaatg tgatcagatt attttactac caacagttat agtttgaaag1260
tccaactgta ttaattgact gataatatga taatatagag attaaattgt ttgtcttcatt1320
tccttaaaaa aaaaaaaaaa 1340

```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45 (A) LÄNGE: 2376 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

60 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

65 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

# DE 198 17 948 A 1

```

ggatatgaat aaattgttaa tataaagtc tacagaaatt aatttatgaa atttctctaa 60
atcacacaaa acttaataac agatgactac taccctgaga ctgaaaaata tgttctaatt 120
tatagtgcga tttttgggca gttttgggtg cagaatacct atcaacacat tcttttttta 180
ttaggaaaaa aaggatgtct acataacaat ttgtaaagt ataaaaatcca ttagttttta 240
agtcttctga tagcattggc tattataaga aacaagtatt tgctctcggt tttaacggga 300
taataatgct atgtctacat aaaatgattt ctaccacctt aaatagctca ctgtagaat 360
tcatgtataa atggaacct atagtacata catatcatat tcttaggtct ggcaaatatt 420
tgaggttcat ccatatttta tattcactca tcagtagttg taaacacatt cttaaagtag 480
cattttcaga tatgaataag cagggatgaa ataagtatta gggtaaggga aatggttgag 540
gctttcctaa gtgaagtgtg aaaaaccacag ctttcttttt aatgggatgt ctaatatgca 600
tttatctggt caagcatttt aagatttcca tgaaaatgtc ctgaaaaatc aagattcttc 660
attgagggtg aggatctccc aatgggagac tgctctgaaa agagcatgtg ctttttgaat 720
tagataacct actataatca tggatgttct tgaatactta gcaaacatag cagcatccca 780
aagtcaccaa gataaaccct cctactccaa catcacatga tcttctaatt ctacctgtaa 840
aaataagcat aacaattaat tagaatataa ttacgttata tacattactc cacctagaaa 900
aaaaaatagt tcattatgta gagaaatgct ttttttagta catagagaaa taaaaaatat 960
agatactcac tagtgaacaa aaaatgtcca aagccagcca caacagatcc taatgaacca 1020
tacaatattg aatgccgggc gcagggagta ttttcaacat ctaaaaatcc taggagctta 1080
agggactaga atgaaaaaaa agaacctaga ttgagtaaga aagtatttca ttttggggtg 1140
ctttggcaaa aatgacaata caccatttct tttctttag ttgagggttt aaactagagt 1200
atgtgccacg tgacaacctt aatcagcttg cgttgtcttt gtccaccttt ggtatgcagt 1260
ctgaatcttt aaatccgaaa accttacaac ttggaccgga aaacccttaa gcagtagggt 1320
aacttggagc tgtatcttaa tttgctaata aactgacttg gaaataggat aattcatatt 1380
atgagctctt taaatgagtt ttttgggaa tatgcctatc attggaattg aaagcagcat 1440
agcttgcttc agtaactcca ataatttggg aagcagaaat ggaaaaagta atttgagtca 1500
tgtttgctta tgtagtgcg tttaaaattc ccctagtaat tacctttcat attttattaa 1560
ctaggttaac atcaactgtg gttgtaagag taaatgttcc accttaagat aaacatgggc 1620
aatatattaa actctagtct gttttcttgc ctgtgaagtg aggcgtgcact tgattatatt 1680
tgattctttg ttcgtaatac atgggaacga cagctaagtg tggtgaaaaa cgcgggggat 1740
caaagagctg gatttttatt tcagatctgc cgctaacttt tgtatcctat aggctacttt 1800
tatttctatg gtctcaatct ataacatgaa tgggttgggt taaatgactg aagttccttc 1860
aagtgtctaa attctttttc tacagtcttc attggattta tgtatttctt attcctaata 1920
tgtttaactg ggatgtctgt cactctaggg cggcaagaca gacatttaaa agtaacagtc 1980
acactgctga actggcattt ctgttaacac aaaagttagt aaaactcacg gtaactgta 2040
cttgatttaa gtgtatataa aattttcagt aaggctgctt ttaaaaggaa ccaactgtcc 2100
tttaaagggt tcatagttat cttcaatggg ttagtattgt ttggggcagg acattaaact 2160
agaagggtt ctataggatg aggtgatacc tagaaggtaa tatattgtaa ggcaaaagag 2220
attagaagaa atggggggaa aggatagtaa aaggcaagtc agattaaagg gttgaaacat 2280
gaagatatcc ccattgtatt ccggcccat gtttgccctt tttggctcca gcacgtgtt 2340
tggaagaggc caatgtgcc ccgggtcccta ataaag 2376

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 225 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:121

cagttgtgaa gttttgtaaa atgggtcacc aacttaaaac taggaaatta cgaagaagag 60  
aaaattgccc ggtatctgtt aagggtctgc ttagatctgt ctgtagggtc tgtcaccatt120  
15 ggaagcaagg tctacttca gtggcagatc ttgtggcctt tgagtggctg aagaccacca180  
ccctgcacag ggctggggcc atgcacaggc atccttcctt acctt 225

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1967 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
25 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
40 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

50 acggggcggcg cccgcgctcg caggccactc tctgtgtctg cccgtcccgc gcgctcctcc 60  
gacccgctcc gctccgctcc gctcggcccc gcgcccgcgc tcaacatgat ccgctgcggc 120  
ctggcctgcg agcgtcgccg ctggatcctg cccctgtctc tactcagcgc catcgccctc 180  
gacatcatcg cgtggtggcg cgcgggctgg ttgcagtcta gcgaccacgg ccagacgtcc 240  
tcgctgtggg ggaatgctc ccaagagggc ggcggcagcg ggtcctacga ggagggctgt 300  
55 cagagcctca tggagtacgc gtggggtaga gcagcggtg ccatgctctt ctgtggcttc 360  
atcatcctgg tgatctgttt catcctctcc ttcttcgccc tctgtggacc ccagatgctt 420  
gtcttcctga gagtgtattg aggtctcctt gccttggtgt ctgtgttcca gatcatctcc 480  
ctggtaattt accccgtgaa gtacacccag accttcacc ttcatgccaa ccgtgctgtc 540  
acttacatct ataactgggc ctacggcttt ggggtggcag ccacgattat cctgatcggc 600  
60 tctgccttct tcttctgctg cctccccaac tacgaagatg accttctggg caatgccaa 660  
ccaggtact tctacacatc tgcctaactt gggaatgaat gtgggagaaa atcgctgctg 720  
ctgagatgga ctccagaaga agaaactgtt tctccaggcg actttgaacc cattttttgg 780  
cagtgttcat attattaaac tagtcaaaaa tgctaaaaata atttgggaga aaatatattt 840  
65 taagtagtgt tatagtttca tgtttatctt ttattatgtt ttgtgaagt gtgtcttttc 900  
actaattacc tatactatgc caatatctcc ttatatctat ccataacatt tatactacat 960  
ttgtaagaga atatgcacgt gaaactaac actttataag gtaaaaatga gggttccaag1020  
atthaataat ctgatcaagt tcttggtatt tccaaataga atggactcgg tctgttaagg1080

# DE 198 17 948 A 1

```

gctaaggaga agaggaagat aagggttaaaa gttgtraatg accaaacatt ctuuuagaaa1140
tgcaaaaaaa aagttttatt tcaagccttc gaactattta agjaaagcaa aatcattttc1200
taaatgcata tcatttgtga gaatttctca ttaatacctt gaatcattca ttttagctaa1260
ggcttcatgt tgactcgata tgcacatctag gaaagtacta tttcatgggc caaacctgtt1320
gccatagttg gtaaggcttt cctttaagtg tgaaatattt agatgaaatt ttctctttta1380
aagttcttta tagggtagg gtgtgggaaa atgctatatt aataaatctg tagtgttttg1440
tgtttatatg ttcagaacca gagtagactg gattgaaaga tggactgggt ctaattttat1500
atgactgata gatctgggta agttgtgtag taaagcatta ggagggtcat tcttgtcaca1560
aaagtgcac taaaacagcc tcaggagaat aaatgacttg cttttctaaa tctcaggttt1620
atctgggctc tatcatatag acaggcttct gatagtttgc aactgtaagc agaaacctac1680
atatagttaa aatcctgggc tttcttggtg aacagatttt aaatgtctga tataaacat1740
gccacaggag aattcgggga tttgagtttc tctgaatagc atatatatga tgcacggat1800
aggctattat gattttttac catttcgact tacataatga aaaccaattc attttaaata1860
tcagattatt attttgtaag ttgtggaaaa agctaattgt agttttcatt atgaagtttt1920
cccaataaac caggtattct aaacttgaaa aaaaaaaaag tcgacgc 1967

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 612 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

```

cctagctgtc cccctgagat gaagaaagag ctccctgttg acagctgcct gccccgctca 60
ctcgagcttc accctcagaa gatggatccc aagagacagc acattcagct cctgagcagc120
ctgactgagt gcctgacggt ggaccccttc agtgccagcg tctggaggca gctgtacctt180
aagcacctgt cacagtccag ccttctgctg gacgacttgc tcagctcctg ggagcagatt240
cccaagaagg tacagaagtc ttgcaagaa accattcagt ccctcaagct tacciaaccag300
gagctgctga ggaagggttag cagtaacaac caggatgtcg tcacctgtga catggcctgc360
aagggcctgt tgcagcaggt tcagggtcct cggctgccct ggacgcggct cctcctgttg420
ctgctggtct tcgctgtagg cttcctgtgc catgacctcc ggtcacacag ctcccttcag480
gctccctta ctggccggtt gcttcgatca tctggcttct tacctgctag ccaacaagcg540
tggtccaagt ttactctac agtctgcaag gttacaggtt ggttggggga gaaatgccgt600
tttgggggtc ca 612

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1183 Basenpaare



- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

20

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

```

tttcggcaca gcatgaatgg ctgcgagaag gacagctcgt ccacagattc tgctaacgaa 60
aaaccagccc ttatccctcg tgagaaaaag atctcgatac ttgaggaacc ttcaaaggca 120
cttcgtgggg tcacaggccc aaatattgag aaatcagtga aggatttgca acgctgcacc 180
gtttctctaa ctagatatcg cgtcatgatt aaggaagaag tggatagtgc cgtgaagaag 240
atcaaagctg cctttgctga attacacaac tgcacatttg acaaagaagt ttcattaatg 300
gcagaaatgg ataaagttaa agaagaagcc atggaaatcc tgactgctcg tcagaagaaa 360
gcagaagaac taaagagact cactgacctt gccagtcaga tggcagagat gcagctggcc 420
gaactcaggg cagaaattaa gcactttgtc agcgagcgta aatatgacga ggagctcggg 480
aaagctgccc ggttttcctg tgacatcgaa cagctgaagg cccaaatcat gctctgcgga 540
gaaattacac atccaaagaa caactattcc tcaagaactc cctgcagctc cctgctgcct 600
ctgctgaatg cgcacgcagc aacctctggg aaacagagta acttttcccg aaaatcatcc 660
actcacaata agccctctga aggcaaagcg gcaaacccca aaatgggtgag cagtctcccc 720
agcacgcggc acccctctca ccagaccatg ccggccaaca agcagaatgg atcttctaac 780
caaagacgga gatttaatcc acagtatcat aacaacaggc taaatgggcc tgccaagtgc 840
cagggcagtg ggaatgaagc cgagccactg ggaaggggca acagccgcca cgaacacaga 900
agacagccgc acaacggctt ccggcccaaa aacaaaggcg gtgccaataa tcaagaggct 960
tccttgggga tgaagacccc cgaggccccc gccattcttg aaaagccccg gcgaaggcag1020
gcacgctgca ggacacctcg ggagggccag gggcctttcc ggggttagtt ttcggttagg1080
ggttttcaca gttgcatttt ttgccccca cgagggatta ggaagttttt ccacagatgg1140
caggcatttt ttttgagttc cccggttttt gacgttttgg ttg 1183

```

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 891 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

```

cggaggcagc ggaaagccga gccaggcgcc tgcgcgctgg gaagagtagg ttcagagtgc 60
attccggaac ccggggcgcg gcgcactgcg caggcgccg gactccgctc agtttccggt120
gcggcgaaaca ccaaagtccg ggaacttaag cattttcggg ttctaggggt gttacgaagc180
tgcaggagcg agatggagggt ggacgcaccg ggtgttgatg gtcgagatgg tctccgggag240
cggcgaggct ttagcgaggg agggaggcag aacttcgatg tgaggcctca gtctggggca300
aatgggcttc ccaaacactc ctactgggtg gacctctggc ttttcatact tttcgatgtg360
gtggtgtttc tctttgtgta tttttgcca tgacttggtc gctgatatct aaattaagaa420
gttggttctt gagtgaattc tgaaaatggc taaaaacttc ttgaataaag aagacaggac480
tctcaataga agaatttcac atctccaagg gaccttctct ttcattttac actttgttac540
taatttgcag aactctatta attgggtagg atttcaccca ttcctagcta agttcttaaa600
attaaaccct ttgggtcgtg tttaaaaact ttcaaacata tgatggcttt acaggggctg660
aatataaaaag catttgtact taaaggctct gtgtattcat taagaaatat agtaatgtct720
tttaatgttt taagagtga tcagggggtt actatggatt gcaagtaata gggatgatta780
ataaggggaa ggtttttatg gaatttcaaa agtcaattta tttcaaaagc gggggaaagg840
gttttgagag gaggggggcc caaggtgttc ctgggggttg ccgaggggagg c 891

```

15

20

25

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 482 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

60

```

tctctaaata gtaccttttc agtcttgccc cagaagttcc ctcaatttca gcagcaccga 60
gcgggtttata attcattcag ttttccaggc caggcgcccc gctatccttg gatggccttt120
ccacgcaata gcatcatgca cttgaaccac acagcaaacc ccacctcaaa tagtaatttc180
ttggacttga atctcccgcc acagcacaac acaggtcttg gagggatccc tgtagcaggg240
gaagaagagg tgaaggtttc gacctgcca ctgtcaacct cttccattc attacaacaa300
ggacagcagc ctacaagtct ccacactact gtggcctgac aacagaactg agaggagagg360
attagactct ggggtgcttg catgggcaac tggatttttg catgattcct ttatgatttt420

```

65

gcttttaatg tatacaccca gaagagccaa tataazcgtt cctcatgcct aaaaaaa48.)  
aa 482

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 610 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

- 20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

ctcgagccgt gggcagtggc cgcgaatgcg cggagacact gaccttcagc gcctcggctc 60  
cagcgccatg gcgcctcca ggaagtctt cgttggggga aactggaaga tgaacgggcg120  
gaagcagagt ctgggggagc tcactgcgcac tctgaacgcg gccaaagggtgc cggccgacac180  
cgagggtggtt tgtgctcccc ctactgccta tatcgacttc gcccggcaga agctagatcc240  
caagattgct gtggctgcgc agaactgcta caaagtgact aatggggcctt ttactgggga300  
gatcagccct ggcatgatca aagactgcgg agccacgtgg gtggtcctgg ggcactcaga360  
gagaaggcat gtctttgggg agtcagatga gctgattggg cagaaagtgg cccatgctct420  
45 ggcagaggga ctcggagtaa tcgcctgcat tggggagaag cttagatgaa agggaaagctg480  
gcatcactga gaaggttgtt ttcgagcaga cagagggtca tcgcagataa cgtgaaggac540  
tgtggcaagg tcgtcctggc ctatgagcct ttttttgggc catttggtgc ctggcaaggc600  
cttcaaacag 610

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 2072 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
60 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

- 65 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

gggtcacatgta ggtacaacag caaccaagaa gatcgatgtc tacctgccct ctgcactcga 60  
 gccaggacag actgctgccca atgaccgtgg tgacaatggc cagcgccagg gtgcaggacc 120  
 tgatcgggct catctgctgg cagtatacaa gcgaaggacg ggagccgaag ctcaatgaca 180  
 atgtcagtgct ctactgcctg catattgctg aggatgatgg ggagggtggac accgatttcc 240  
 ccccgctgga ttccaatgag cccattcata agtttggtt cagtactttg gccctgggtt 300  
 gaaaagtact catctcctgg tctgacatcc aaagagtcac tctttgttcg aataaatgct 360  
 gctcatggat tctcccttat tcagggtggac aacacaaagg ttaccatgaa ggaaatctta 420  
 ctgaaggcag tgaagcgaag aaaaggatcc cagaaagtgt caggccctca gtaccgcctg 480  
 gagaagcaga gcgagcccaa tgcgcctgtt gacctggaca gcactttgga gagccagagc 540  
 gcatgggagt tctgcctggg ccgcgagaac agttcaaggg cagacggggt ttttgaggag 600  
 gattcgcaaa ttgacatagc cacagtacag gatatgctta gcagccacca ttacaagtca 660  
 ttcaaagtca gcatgatcca cagactgcga ttcacaaccg acgtacagct aggtatctct 720  
 ggagacaaag tagagataga ccctgttacg aatcagaaag ccagcactaa gttttggatt 780  
 aagcagaaac ccattctcaat cgattccgac ctgctctgtg cctgtgacct tgctgaagag 840  
 aaaagcccca gtcacgcaat atttaaactc acgtatctaa gcaatcacga ctataaacac 900  
 ctctactttg aatcgacgc tgctaccgtc aatgaaattg tgctcaagggt taactacatc 960  
 ctggaatcgc gagctagcac tgcccggtt gactactttg ctcaaaaaca aagaaaactg 1020  
 aacagacgta cgagcttcag cttccagaag gagaagaaat ccgggcagca gtgacactgg 1080  
 cctccagcct caatctgttc cgtagctcag agcctgcctg ccaggggcca gtgccctaga 1140  
 gccaccggg tgctctgaag tctcggggg gaggccagcc cctggctcac tggcacaggg 1200  
 caggtgggct ctgcgggaag gtgtcgggg cccctagga ggagcgctg ggacattgcl 1260  
 catgggacgg aagtctgctt ggagtggtt ttgataagcg atgcttgggg gtcagaccac 1320  
 cccctagagg agccacgtgc cgccagcca ccttcaatgc ctgccaccct gcccgaggat 1380  
 gtacagagcc gtgccacac atttctctgc aacttgatca aatttcttaa agcaaacac 1440  
 aaaaatgtac atttctgttt ttccttttaa taacacagggt tactctttat catggttggt 1500  
 atgatggacc attctttggg gcggaggatt gattatgta ctctctttaa aatctgttcc 1560  
 catattgaac aggcagattg gaaaagctat ggttcgattt ctcaagaaga atgtttaggt 1620  
 cttagtcaat agttttaact atgccatttg tttaaatgag tgcatttgct tcgagggtag 1680  
 tgtcttacta aaagttagga acagagacct agtgggtgtg ccaaggccgt gtcactttcc 1740  
 ccttcagcac acccagctt ctgacctcag agcccaggag ctgcgtggac agtgtgggt 1800  
 gccaggagga gggcggttg ctggctctca ggcacgctgc actcccagcc agacatgg 1860  
 tttccgtttc ttaagtagca agtgtaggtt tcagctggca gttccacctg catgttctct 1920  
 gcttcgctgc cttggaagg gccacattcc ccattcctct tctccttaca gcgcctgcct 1980  
 cctttttaag caggcggaag gctgctgttt ctacggttcc agggagaggg gtgaccagga 2040  
 gactgtgtcg tgcgtcggtc ctgggtggac ag 2072

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

55

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 980 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

15  
 tttatggagt tagagcaggg gaacttaaaa acaaaagtgt atttaataac ttcattgagac 60  
 tgtgataacc agtttatatt tgaaatatat acagcacttt gggagactga ggggtgacct120  
 tgatagtcct ttgcacagtgt atcttcagat cttaaaagaa aaagaaggca tagaatatat180  
 20 tttgcttaac ttctctttta aggataactt tccatttgat cctccatttg ttcgagtgg240  
 gttacctgtt ctctcaggag ggtatgtatt gggaggagga gcattatgta tggacttct300  
 cacaaaacag ggctggagca gtgcctactc aatagaatcg gtcattcatgc aaataaatgc360  
 caccttagtc aaaggcaaag ccagagtgcg gtttggagca aataagaatc aatataatct420  
 agcaagagcc caacaatcct ataattccat tgtacagata catgagaaaa atggctggta480  
 25 caccctccca aaggaagatg gctaaatatg ttgactgttg tatgtttgga ctaatgttgc540  
 tttaaagaaa atctttccaa catgcagaca aaagctttga gtgcccctat tacagcagta600  
 ccgaagatgt tagttaatat atattttagt ggataatctg tcatctgaca tccagtataa660  
 gttacagcct tcgcattttg ctcatcttag atatcttgga ctgagcagtg gggcctttac720  
 30 tgtatttttc ctgataaata cacatactgg ccactcctta tctctttttc ttgaaaagt780  
 aactttttta aggagccaa gtcaacatca gggctactga agttggaggg ctttaggggt840  
 aactttccta tattgagccc atgggggtac aagggtttgg caatatattg ttccctttta900  
 cagccaatac aggttttaac cggatgtttc aatatgggt ttaggggatt ttaagggccc960  
 35 tcttaagtca taatagccct 980

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 792 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
50 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
60 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

# DE 198 17 948 A 1

```

ctgtttggca gggcggggcg cctcgcgaag atggtgjcgc gcgcgcgcgtg tggctcccgt 50
cgtctggcca agtctcagcg caccgaaccg gccgggcctt cgttggcctg gagccccacac120
ccaccgggtc cctgaccccg cgcggggcgc gccgggttcc cggcatgcct cgcggccgtal80
agggaacac gctccggaag ggtggtcagc gccgtggagg aggtgcccgg agcagtgccc240
aagctgactc gggttccagt gacgatgagg cagccagtga ggcgcgcagc accgccagtg300
aatgccccag cctctcagc accactgcag aggacagcct tgggggggat gtcgtggatg360
agcaagggcc agcaggaaga ccttgaggaa aagctgaagg agtatgtgga ctgtctcaca420
gacaagagtg ccaagaccgg gcaggtgcct cttagagacc tgcgcctggc cctagcgtcc480
cgccactccc ccgacttctt gctggagcgc cgcctcacgc tagccgatgc cctggaaaag540
tgccccaaga aagggaaggg cgaggaaaca gccctggctg ctgctgtgct aggcctgctc600
tgctgagcgc tggggcctgg acctaaaggt gaggagctgt ttcacagcct gcagcctctg660
ctggtctctg tgctcagtga cagcacagct agccctgctg cccggctcca cgtgagttgc720
ctgtgccccca tgaaccctt cctgcaactt atccctcagc agagtgggtg gttcccccta780
tcttcagcct cc 792

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1092 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

```

gtgggtcccc ccggttcggg cgcgggttag gccttcggtg gtgaacgagt ctccagcacc 60
atgtctggtt tgtctggccc accagccggg cgcggccctt tccggttagc gttgctgctt 120
ttgttcctgc tcggccccag attggtcctt gccatctcct tccatctgcc cattaactct 180
cgcaagtgcc tccgtgagga gattcacaag gacctgctag tgactggcgc gtacgagatc 240
tccgaccagt ctggggggcg tggcggcctg cgcagcacct caagatcaca gattctgctg 300
gccatattct ctactccaaa gaggatgcaa ccaaggggaa atttgccttt accactgaag 360
attatgacat gtttgaagtg tgttttgaga gcaaggggaa agggcgggata cctgaccaac 420
tcgtgatcct agacatgaag catggagtgg aggcgaaaaa ttacgaagag attgcaaaa 480
ttgagaagct caaaccatta gaggtagagc tgcgacgcct agaagacctt tcagaatcta 540
ttgttaatga ttttgcttac atgaagaaga gagaagagga gatgcgtgat accaacgagt 600
caacaacac tcgggtccta tacttcagca tcttttcaat gttctgtctc attggactag 660
ctaccctggc ggtcttctac ctgcgacgct tcttcaaggc caagaaattg attgagtaat 720
gaatgaggca tattctcctc ccaccttgta cctcagccag cagaacatcg ctgggacgtg 780
cctggcctaa ggcacacctc caacagcacc atcaaggcac gttggagctt tcttgccaga 840
actgatctct tttggtgtgg gaggacatgg ggtaccacct acaccaaca agtcaatgag 900
ggactctctt ttaatttggt aggattttga ctggttttgc aacaataggt ctattattag 960
agtcacctat gacaaaaaat aggggggttac ctagataatg ccaaagtcag catttgtccc1020
gggtccccct gtgggagctg tgggacgatg ttttcttttc tgcccccttt ccggagcgtg1080
gggggccaat ta 1092

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

## 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1523 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

```

ctcatgtcta aagaaattcc tttttgtgtg aaaaagacta agagcatctt caacagtgcc 60
35 atgcaagaga tggagggtta cgtggagaac atccgcagaa gtttggggtt ttttaattact 120
ctccatttag gacaccctac acaccaaca gccagtatca aatgctgctc gatcccacca 180
accccagcgc cggcactgcc aagatagaca agcaggagaa ggtaagctc aactttgaca 240
tgacggcatc cccaagatc ctgatgagca agcctgtgct gagtgggggc acaggccgcc 300
ggatttcctt gtcggatatg ccgcgctccc ccatgagcac aaactcttct gtgcacacgg 360
40 gctccgacgt ggagcaggat gctgagaaga aggccacgtc gagccacttc agtgcgagcg 420
aggagtccat ggaattccag ggataagagc acagcttcac cagccatcca ccaagacggg 480
acaagcaggg agtttatccg gcagcccaa gcccttctct cctcaactgt cagctcctat 540
cacgacgaaa acggacaaaa cctccaccac cggcagcatc ctgaatctta acctggatcg 600
45 aagcaaaagt gatagtgatt tgaaggagct gagcgagtcg gtccagcaac agtccacccc 660
tggtctcttc atctctccca agcgccagat tcgtagcagg ttccagctga atcttgacaa 720
gaccatagag agttgcaaa cacaattagg cataaatgaa atctcggaag atgtctatac 780
ggccgtagag cacagcgatt cggaggattc tgagaagtca gatagtagcg atagttagta 840
tatcagtgat gatgagcaga agtctaagaa cgagccagaa gacacagagg acaaagaagg 900
50 ttgtcagatg gacaaagagc catctgctgt taaaaaaaaa cccaagccta caaacccagt 960
ggagattaaa gaggagctga aaagcacgtc accagccagc gagaaggcag accctggagc 1020
agtcaaggac aaggccagcc ctgagcctga gaaggacttt tccgaaaagg caaaccttc 1080
acctcacccc ataaaggata aactgaaggg aaaagatgag acggattccc caacagtcca 1140
tttgggcctg gactctgatt cagagagcga acttgtcata gatttaggag aagaccattc 1200
55 tgggctgggag ggtcgaaaaa ataagaagga acccaaagaa ccatctccca aacaggatgt 1260
tgtaggtaaa actccaccat ccacgacggt gggcagccat tctcccccg aaacaccggt 1320
gtcacccgc tcttcgccc aaacttcgc ggctggcgcc acagccacca ccagcacgtc 1380
ctccacggtc accgtcacgg ccccgccccc cgcgcgcaca ggaagccag tgaaaaagca 1440
60 gaggccgctt ttaccgaagg aggactgccc cggccgtgca gcgggtccgt gtggaactca 1500
tcaagtaaa tttcaaacgt cct 1523

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

65

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2241 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

# DE 198 17 948 A 1

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

cgccgcccaa ggcgcagaag ccgagctggg aaaagggagg cagaggaggc ggaggcagag 60  
gcagaggcag agcccggtgc cgagaccaag cgacagaccg gccgggctgg gcctcgcaaa 120  
gccggctcgg cgagctctcc cgacacccga gccggggagg aaaagcagcg actcctcgct 180  
cgcatccccg ggagccgcac tccagactgg cccggtagtc aggggctcag gagcagatcc 240  
cgaggcaggc tttgctcagc ctccgacgag ggctggccct ttggaaggcg ccttcaacag 300  
ccggaccaga caggccacca tgaccgagaa ttccacgtcc gccctgcgg ccaagcccaa 360  
gcccggcaag gcctccaaga agtccacaga ccaccccaag tattcagaca tgatcgtggc 420  
tgccatccag gccgagaaga accgcgctgg ctctcgcgc cagtccattc agaagtatat 480  
caagagccac tacaaggtgg gtgagaacgc tgactcgag atcaagttgt ccatcaagcg 540  
cctggtcacc accggtgtcc tcaagcagac caaaggggtg ggggcctcgg ggtccttccg 600  
gctagccaag agcgcagaa ccaagaagtc agtggccttc aagaagacca agaaggaaat 660  
caagaaggtg gccacgcaa agaaggcatc caagcccaag aaggctgcct ccaagcccc 720  
aaccaagaaa cccaaagcca ccccggtcaa gaaggccaag aagaagctgg ctgccacgc 780  
caagaaagcc aaaaaaccca agactgtcaa agccaagccg gtcaaggcat ccaagcccaa 840  
aaaggccaaa ccagtgaaac ccaagcaaaa gtccagtgc aagagggccg gcaagaagaa 900  
gtgacaatga agtcttttct tgcggacact cctcctgtc tcctattttc tgtaaataat 960  
tttctccttt tttctccttt gatgctcacc accacctttt gcccccttct gttctgactt1020  
tataagagac aggtatttga ttcttcagaa attacagaat aattcatttt tccttaacca1080  
gttgtgcaag gacagcaaca accaatctaa tgatgagaat gtacttatat tttgttttgc1140  
tattaacctt cttacggggt tagggatttg cgggggggct tgtgtgtttt gttggcttgt1200  
ttgcatgaa ggtagatgtg ggtggggaga agacacaagg cagtttggtc tggctagatg1260  
agagggaacc caggaattgt gaggttagca ggaatatctt taggggtgag gagttttcct1320  
tgagttgggc acccgttgtg agagtttcag aacctttggc cagcaggaga gaggtggtag1380  
ggagcagcca gccggcaaa gaaggagggt gaaaaaaacc gccaccgggc tgacttccac1440  
ctcccagtg tgagcagtg gggcccaaac ccagtttct tctcattttt gttagtttgc1500  
cctttcggcc tccctatttt cttagggaa gggagtggg tccaagtgac agctggatgg1560  
gagaagccat agtttctccc agtcagctag gatgtagcca ttgggggac tttgtggctt1620  
cagcaaattc tcttggttaa ccggagtga aacttcaggg gaagggtggg gagtcaagca1680  
agtgcctcag tgtgccctgt tgaaacttag gtttttcac gcaatcgatg gattgtgtcc1740  
taggaagact tttcttttcc tctggatttt tgttcctcct gtacaagagg tgtctttgct1800  
tggttttggt gggtgcggc cacttaaaac ctcccgatct ctttttgagt cctttattat1860  
aagtagttgt agctgcggga gggggagggg gagggtggcg gcagtggata gtaagactta1920  
ctgcagtcga ttgggattt gctaagtag ttacagagc tagatctgtg tgcagtgtgtg1980  
tgttttgtga tatatacata tctagggcta gtacttagt tcacaccgg gagctgggag2040  
aaaaaacctg tacagttgtc tttctcttat ttttaataaa atagaaaaat cgcgcaactg2100  
cgcgcccccc cccaccccc ttttttaaac aagtgttact tgtgccggga aaattttgct2160  
gtctttgtga ttttaaaact ttaaaataaa ttggaaaagg gagaaaactga aaaaaaaaaa2220  
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 2241



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

## 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 631 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

tgacaatggc ttcttttaaaa tactcagagg acaggatcac ggtggaatcg aatcagaagt 60  
 35 ggtggctgga attccacgca ccgacagta ctgggaaaag atctaactctg ccgtgggcct120  
 gtcgtgccag tcctgggggc gagatggggg tagaaatgca tgtgatgcgt taagttcacg180  
 taagatacaa gtttcagaca gggtcggaag gactggattg gccaaacatc agacctgtct240  
 tccaaggaga ccaagtctctg gctacatccc agcctgtggg tacagtgcag acaggccatg300  
 tgagccaccg ctgccagcac agagcgctct tccccctccg tgatccatcc atctccaggg360  
 40 agcaagacag agacgcagga atggaaagcg gagttcctaa caggatgaaa gttcccccat420  
 cagttcccc agtacctcca agcaagtagc tttccacatt tgtcacagaa atcagaggag480  
 agatggtgtt gggagccctt tggagaacgc cagtctccca ggccccctgc atctatcgag540  
 tttgcaatgt caaacctctc tgatcttgtg tcagatgatt cttaatagga gtttattttt600  
 45 cgggcagctg cgaatcaggg gggtaaccag g 631

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

## 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 980 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

60 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 65 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

```

ggggccggga gggtaacttag ggccggggct ggcccaggct acggcgggct cagggctccg 60
gcaaccgctc cggaacgcc aaccgctccg ctgcgcgcag gctgggctgc aggcctcgg120
ctgcagcgtc gggtagatct aggatccggc ttccaacatg tggcagctct gggcctccct180
ctgctgcctg ctggtgttgg ccaatgcccg gaggaggccc tctttccatc ccctgtogga240
tgagctggtc aactatgtca acaaacggaa taccacgtgg caggccgggc acaacttcta300
caacgtggac atgagctact tgaagaggct atgtggtacc ttcttgggtg ggcccaagcc360
accccgagga gttatgttta ccgaggacct gaagctgcct gcaagcttcg atgcacggga420
acaatggcca cagtgtccca ccatcaaaga gatcagagac cagggctcct gtggctcctg480
ctgggccttc gggctgtgag aagccatctc tgaccggatc tgcattccca ccaatgcgca540
cgtcagcgtg gaggtgtcgg cggaggacct gctcacctgc tgggcagca tgtgtgggga600
cggtgtaat ggtggctatc ctgctgaagc ttggaacttc tggacaagaa aaggcctggt660
ttctgtggc ctctatgaat cccatgtagg gtgcagaccg tactccatcc ctccctgtga720
gcaccacgtc aacggtctcc ggccccatg cacgggggag ggagataccc ccaagtgtag780
caagatctgt gagcctgggt acagcccagc ctacaaacag gacaagcact acggatacaa840
ttctacagcg tctccaatag cgagaaggac atcatggccg agatctacaa aaacggcccc900
gtggagggag gttctctgtg tattcggact tctgcctaga gtcagggggt acaaaagtcc960
cggaatttg gggggccgcc 980

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2238 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

```

cacatgttcg gggaccgagt ggggtcaatc ttctgggtct gcctctccag gtctcttcca 60
ggccgggtcat agacgtactc cctctgagcg cgaccgatgg ttagaagagg tgtctaagag 120
cgtccgggct cagcagcccc aggcctcagc tgctcctctg cagccagttc tccagcctcc 180
tccaccact gccatctccc agccagcacc acctttccaa gggaatgcat tctcacctc 240
tcagcctgtg ccagtgggtg tgggtcccagc cctgcaacca gcctttgtcc ctgcccagtc 300
ctatcctgtg gccaatggaa tgccctatcc agcccctaag gtgcctgtgg tgggcatcac 360

```

```

tccctccag atggtggcca acgtatttgg cactgcaggc caccctcag ctjccatcc 420
ccatcagtc cccagcctgg tcaggcagca gacattccct cactacgagg caagcagtc 480
taccaccagt cccttcttta agcctcctgc tcagcacctc aacggttctg cagctttcaa 540
5 tgggtgtgat gatggcagg tggcctcagc agacaggcat acagagggtc ctacaggcac 600
ctgcccagtg gatccttttg aagcccagtg ggctgcatta gaaaaaagt ccaagcagcg 660
tactaatccc tcccctacca accctttctc cagtgactta cagaagacgt ttgaaattga 720
actttaagca atcattatgg ctatgtatct tgtccatacc agacaggagg cagggggtag 780
10 cggtc aaagg agcaaaacag actttgtctc ctgattagta ctcttttcac taatcccaaa 840
gggtccaaagg aacaagtcca ggcccagagt actgtgaggg gtgattttga aagacatggg 900
aaaaagcatt cctagagaaa agctgccttg caattaggct aaagaagtca aggaaatgtt 960
gctttctgtg ctccctcttc ccttaccccc ttacaaatct ctggcaacag agaggcaaag1020
tatctgaaca agaattctata ttccaagcac atttactgaa atgtaaaaca caacaggaag1080
15 caaagcaatc tccctttgtt tttcaggcca ttcacctgcc tcctgtcagt agtggcctgt1140
attagagatc aagaagagtg gtttgtgtctc aggcctggga acagagaggc acgctatgct1200
gccagaattc ccaggagggc atatcagcaa ctgccagca gagctatatt ttgggggaga1260
agttgagctt ccattttgag taacagaata aatattatat atatcaaaag ccaaaatctt1320
tatttttatg catttagaat attttaaata gttctcagat attaagaagt tgtatgagtt1380
20 gtaagtaatc ttgccaaagg taaaggggct agttgtaaga aattgtacat aagattgatt1440
tatcattgat gcctactgaa ataaaaagag gaaaggctgg aagctgcaga caggatccct1500
agcttgcttt ctgtcagtc ttcattgtaa gtagcacatt gcaacaaca tcatgcttat1560
gaccaataca gtcactagt tgtagttttt tttaaataaa ggaaaagcag tattgtcctg1620
25 gttttaaacc tatgatggaa ttctaattgc attattttta tggaatcaat cgaaatatgc1680
tctatagaga atatatcttt tatatatgct tgcagtttcc ttatgttaat cctttaacac1740
taagtaaca tgacataatc ataccataga aggaacaca ggttaccata ttggtttgta1800
atatgggtct tgggtgggtt tggtttatcc tttaaatttt gttcccatga gttttgtggg1860
gatggggatt ctggttttat tagctttgtg tgtgtcctct tccccaaac ccccttttgg1920
30 tgagaacatc cccttgacag ttgcagcctc ttgacctcg ataacaata gagagctcat1980
ctcattttta cttttgaacg ttggccttac aatcaaatgt aagttatata tatttgact2040
gatgaaaatt tataatctgc tttacaaaa ataaatgttc atggtagaaa aatttgccca2100
tgaagggtg ttctttcccc tttcctttat tagtaaatga atttattttt cgttcttttg2160
35 gtcttactct ccattctact gctgctgtaa atccctagtt tagtgactag aaaaataccc2220
ttaagattca tattttca 2238

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

40

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 398 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

65

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

# DE 198 17 948 A 1

tgcagattgg ttggggcagc ccggggagggc tggctcga: acacgactga gtjly:clac 60  
actggcccc caggttttca gctgtggagt ttgggacgg agcttggagc ccatttgttt120  
ctggcagttc cgctcatatt ttccacttga agacatcgcc tccgttcctt ccaagctggg180  
agaccagaag tcaacaacag gaggtggag aggccgggtc tcacaatccg cttggctggg240  
gagtcactg aggttcttgc atcctgaagc aaaccatgga gagctgggtg ggacttccct300  
gttttgcgtt cctgtgtttt ctaatgcacg cccgaggtca aagagacttt gattttggca360  
gatgcccttg atgaccctga aaccaccaa gaagccaa 398

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1084 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

ggcgggtggcg gaagtgggag cgggcctgga gtcttggcca taaagcctga ggcggcgcca 60  
cggcgggagtt ggcggcttgg agagctcggg agagttccct ggaaccagaa cttggacctt 120  
ctcgttctcg tcctccgttt agtctcctcc tcggcgggag cctcgcgacg gcccgcccg 180  
gagcccccag cgcaggcccg cgtttgaagg atgacctcta ggaagaaagt gttgctgaag 240  
gttatcatcc tgggagattc tggagtccgg aagacatcac tcatgaacca gtatgtgaat 300  
aagaaattca gcaatcagta caaagccaca ataggagctg actttctgac caaggaggtg 360  
atggtggatg acaggctagt cacaatgcag atatgggaca cagcaggaca ggaacggttc 420  
cagtctctcg gtgtggcctt ctacagaggt gcagactgct gcgttctggt atttgatgtg 480  
actgccccca acacattcaa aaccctagat agctggagag atgagtttct catccaggcc 540  
agtccccgag atcctgaaaa ctcccatatt gttgtgttgg gaaacaagat tgacctcgaa 600  
aacagacaag tggccacaaa gcgggcacag gcctggtgct acagcaaaaa caacattccc 660  
tactttgaga ccagtgccaa ggaggccatc aacgtggagc aggcgttcca gacgattgca 720  
cggaatgcac ttaagcagga aacggaggtg gagctgtaca acgaatttcc tgaacctatc 780  
aaactggaca agaatgaccg ggccaaggcc tcggcagaaa gctgcagttg ctgagggggc 840  
agtgcaggtt gagcacagag tccttcacaa accaagaaca cactgaggcc ttcaacacaa 900  
ttccctctct ctcttccaaa caaacatac attgatctct cacatccagc tgccaaaaga 960  
aaaccccatc aaacacagtt acaccccaca tattctctca cacacacaca cacacggcac1020  
acacacacac acaggtttgg acgttattca gattgcggcc tttgccgtgt tgggttcgtg1080  
gggg 1084

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1259 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

taaaatacag aagaagagtc cacacactgt ttcacgagaa ggagtgtatc atgatttgta 60  
gtaatcgaag aacatgttta tggaacagg gtgactcagc tctcctgggg aggatggatg 120  
30 aggagtttagc aggaagagag ggtaccaagt gaggggaaag cagcagggtg ggtctggggc 180  
atggacagga agcagaggct gggaaaagct acatctttta ttcatgcttt ttcacaggag 240  
ctgaagtggg aatcagtaca tcgagaatcc acggccgggg accagtagga cttgagggac 300  
tgcttactac taagtggctg ctgcgaggga aggaccaggt ggtctcagat ttctcagagc 360  
atggaagttt aaaatatctt catgagaacc tccctattcc tcagagaaac accaactgaa 420  
35 aagagccagg aaaacccggg aattttccaa aaggctctca cgttaaactt gtcttatctc 480  
aggagagagc ccgctcttgt ctcccagttc ctggtagggt ctgcctgttg gaaagtgtac 540  
ctggatgctt ctgggctccg tttggcaata gcaatcttgg ctgatgtgca cagtctggct 600  
cccagctcac cctttttttt taaaagtaag aaaatagttg ctaccgatag ggactttgcc 660  
aagtccaatt atcttctagg attgaaaggt gcattttccc cataaaaaag gcgaggaaaa 720  
40 cccatggctg ctttgtgtca cctcagtgac ttacagtccc ccttggcatt tagttggtag 780  
tagagccagt catccttaac aaatcttttc acattttatt tctttcacat gtagtcatct 840  
tcaaaaagga aagatttga attttagaaa aggggcaact cttcttttta gcattctcat 900  
cagaaagtca caaaaatcga tggaatcatt tccactggga agattgacct tttgtattta 960  
45 tttgtggggg aaattaataa gcattccaga tgcttgagc ttctgcac caggagatgc1020  
tgtgttcccc gtgatgcagc tggaacccaa gctgcagcag gagatgcaag tttcaggatg1080  
ttccccactg agctggagga atatctacag cagtgatgct tgaaattttt gtatgaatta1140  
ttttgtcgtc ctaccctttt cctccaaaac aaaaattaga ggattatttt aatactttgg1200  
attcttcccc cttttttgag aaataaagtt ttttatgaaa agccaaaaaa aaaaaaaaaa 1259

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
55 (A) LÄNGE: 1938 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
60 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

65 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

# DE 198 17 948 A 1

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

```

ccaagatggc ggcacgatgc ctgcccggct gttgggggtg cggtgacgac aggcagcaaa 60
agaccagctg gtcccagatt cgctgctgga gtgctggatg gaggctttct ctgccctctg 120
tgacatttcc aatttttagat aatgcctcac atctctgtcc ccccgggacc ccctggagcc 180
cccatgatcc ctaagaagac agcttgaacc tagatctcac ccccaggatg ttgaggaggc 240
tgctggagcg gccctgcacg ctggccctgc ttgtgggctc ccagctggct gtcattgatg 300
acctgtcact ggggggcttc cgaagtctca gtgccctatt tggccgagat cagggaccga 360
catttgacta ttctcaccct cgtgatgtct acagtaacct cagtcacctg cctggggccc 420
caggggggtcc tccagctcct caaggtctgc cctactgtcc agaacgatct cctctcttag 480
tgggtcctgt gtccgtgtcc tttagcccag tgccatcact ggcagagatt gtggagcggg 540
atccccgggt agaaccaggg ggccgggtacc gccctgcagg ttgtgagccc cgctcccga 600
cagccatcat tgtgcctcat cgtgcccggg agcaccacct gcgcctgctg ctctaccacc 660
tgcaccctct cttgcagcgc cagcagcttg cttatggcat ctatgtctac caccaggctg 720
gaaatgaac atttaacagg gcaaaaactgt tgaacgttg ggtgcgagag gccctgcgtg 780
atgaagagtg ggactgcctg ttcttgacag atgtggacct cttgccagaa aatgaccaca 840
atctgtatgt gtgtgacccc cggggacccc gccatgttgc cgttgctatg aacaagtttg 900
gatacagcct cccgtacccc cagtacttgc gaggagtctc agcacttact cctgaccagt 960
acctgaagat gaatggtctc cccaatgaat actggggctg ggtggtgag gatgacgaca 1020
ttgtaccag ggtgcgctg gctgggatga agatctctcg gccccccaca tctgtaggac 1080
actataagat ggtgaagcac cgaggagata agggcaatga ggaaaatccc cacagatttg 1140
acctcctggt ccgtacccag aattcctgga cgcaagatgg gatgaactca ctgacatacc 1200
agtgtctggc tcgagagctg ggccctcttt ataccaacat cacagcagac attgggactg 1260
accctcgggg tctctgggct ccttctgggc cactgttacc acctgggtcc tcccaggcct 1320
tccgtcaaga gatgctgcaa cgcgggcccc cagccaggcc tgggcctcta tctactgcca 1380
accacacagc cctccgaggt tcacactgac tctccttcc tgtctacctt aatcatgaaa 1440
ccgaattcat ggggttgat tctccccacc ctcagctcct cactgttctc agagggatgt 1500
gagggaactg aactctggtg ccgtgctagg gggtaggggc ctctcctca ctgctggact 1560
ggagctgggc tctgttagac ctgaggggtc cctctctcta gggctcctg tagggcttat 1620
gactgtgaat ccttgatgtc atgattttat gtgacgattc ctaggagtcc ctgcccctag 1680
agtaggagca gggctggacc ccaagcccct cctcttcca tggagagaag agtgatctgg 1740
cttctcctcg gacctctgtg aatattttat ctatttatgg ttcccgggaa gttgtttggt 1800
gaaggaagcc cctccctggg cattttctgc ctatgctgga atagctccct cttctgggtcc 1860
tggtcagggg ggctgggatt ttgatatttt ttctaataaa ggactttgtc tcgcaaaaaa 1920
aaaaaaaaa aaaaaaaa

```

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1874 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

```

caaaaaaacc tcttaatat ctggagtcac cattcccttc gacagcattt tcctctgctt 60
15 tgaaagcccc agaaatcagt gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120
tctttgccaa gacctttcaa agccatttta ggctgttagg ggcagtggag gtagaatgac 180
tccttgggta ttagagtttc aaccatgaag tctctaacia tgtattttct tcacctctgc 240
tactcaagta gcatttactg tgtctttggg ttgtgctagg ccccggtg tgaagcacag 300
20 accccttcca ggggtttaca gtctatttga gactcctcag ttcttgccac tttttttttt 360
aatctccacc agtcattttt cagacctttt aactcctcaa ttccaacact gatttcccct 420
tttgatttct cctccttccc ctctcttgta gccttttgac ttctattgga aattaggatg 480
taaactctgt caggagacct ggaggagcag aggataatta gcattctcag ttaagtgtga 540
gtaactctgag aaacaatgac taattcttgc atattttgta acttccatgt gagggttttc 600
25 agcattgata tttgtgcatt ttctaaacag agatgagggt gtatcttcac gtagaacatt 660
gggtattcgt tgagaaaaaa agaatagttg aacctatttc tctttcttta caagatgggt 720
ccaggattcc tcttttctct gccataaatg attaatataa tagcttttgt gtcttacatt 780
ggtagccagc cagccaaggc tctgtttatg cttttggggg gcataatatt gggtccattc 840
30 tcacctatcc acacaacata tccgtatata tccctctac tcttacttcc cccaaattta 900
aagaagtatg ggaaatgaga ggcatttccc ccaccccat tctctcctca cacacagact 960
catattactg gtaggaactt gagaacttta tttccaagt gtccaacat ttaccaatca1020
tattaataca atgatgctat ttgcaatttc tgctcctagg ggaggggaga taagaaaccc1080
tcactctcta caggtttggg tacaagtggc aacctgcttc catggccgtg tagaagcatg1140
35 gtgccctggc ttctctgagg aagctggggg tcatgacaat ggcagatgta aagttattct1200
tgaaagtcaga ttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctactttgt tctgctgttc1260
tctagaaaga atatttggtt ttctctgata ggaatgagat taattccttt ccagggtatt1320
tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc cccctagcca tttttactgt tatcctattt1380
40 agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt occaacaac attgatgctg acagtcatgc1440
agtctgggag tggggaagtg atcttttggg cccatcctct tcttttagca gtaaaatagc1500
tgaggggaaa gggagggaaa aggaagtatt gggaatacct gtggtgggtg tgatccctag1560
gtcttgggag ctcttggagg tgtctgtatc agtggaattc ccatcccctg tgggaaatt1620
gtaggctcat ttactgtttt aggtctagcc tatgtggatt ttttctaac atacctaaagc1680
45 aaacccagtg tcaggatggt aattcttatt ctttcgttca gtttaagttt tcccttcatt1740
tgggcactga agggatatgt gaaacaatgt taacattttt ggtagtcttc aaccagggat1800
tgtttctgtt taacttctta taggaaagct tgagtaaaat aaatattgtc tttttgtatg1860
tcaaaaaaaa aaat 1874

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

(A) LÄNGE: 198 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

# DE 198 17 948 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

RDIWTMNLQR YWGEIPISSS QTNRSSFDLL PREFRLVEVH DPPLHQPSAN KPKPPTMLDI 60  
PSEPCSLTIH TIQLIQHNRR LRNLIATAQA QNQQQTEGVK TEESEPLPSC PGSPPLPDDL120  
LPLDCKNPNA PFQIRHSDPE SDFYRGKGEF VTELSWHSCR QLLYQSGGTN PGQRRAFDCA180  
NESVLEDPNL MLAHEYWP 198

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

IVWMVRLHGS EGMSSIVGGF GLLAEGWCRG GSWTSTRNS RGSKSKEALL VWLDDIGISP60  
QYLRCFIVHM SLQVQQTFIK CQAFQVQRL IM 92

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

DPCPERSTKN RHGAQGMPSK LQGFPRSRSA GAGANHRVLR SPDVQGSRKT GRSGPEPRQG60  
GTTLFTAASQ SGLGGCLDLE RPEARIASDP ESWFVD 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel



(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

EGRVQQGSFV NVQQGPQEPF IEFHQLTQA IKSTHGTSTI PRVSRITLKD KP

52

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren

25 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

PSRTSHSGTL PIPRLKICFK KRGNMNKDPT TLLAQVLFTL NFLNLDN

47

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

50 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

LSKFKKLRVN NTCASSVVGSLFIFPLFLKH IFKRGMGNVP LWLVLEGYTR YPWNGRCSMC60

ALNCLG

€6

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

5

- (A) LÄNGE: 187minosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

25

REGGRPEGN GDIRGGLRSG CDLSLLAPLL PPSSSESWE CYPWKIKLGL QELSVWEESM 60  
 AQHSACVPFC SGSLSPPPSQ PQLSPSPSS SPEDSSDGRA GPPEPTGSSG CTGSWCSLSP120  
 VHFHSHWGMEC PCILCCRSPH LHLRGLGSPS SPQCPQSLSQ TVGWNMRLEA ERGSEHHSPC180  
 TWVASC? 187

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149

35

- (A) LÄNGE: 147minosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149

55

REDWNRGKGE VAPCFVQPGS WQPWCWGLDP TTPAHLAEHL VPEDCLPLL LHLQLPPLL 60  
 TFHTLQDCVC SGSPGECSSC CHRASILILL LIVQLLSVCI RLSDQRVHQH QEGHVEQOGT120  
 HHGQVDDNDD LDGGGLRSSY LHSHSRQ 147

60

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150

15 FFFFFWREIK QFNDGFOLDLH TTLRQEDKIF SPCTGTTKFR DKRQPKYRGC GVQIHAQPRV 60  
SCSNRPSGSV TVDTGERDDC PDPSSAGEGT GSRVCMGTPC PSARSAQGT A NTSFQCTLT120  
QWAQGAQLSH QSCPQGWSWG WG 142

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151

(A) LÄNGE: 464inosäuren

25 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151

45 RQQTVLGSCS SSILPCQLLK HQGSSKTEMT KNWLIQTKRR YFSSPKQMSM THWPRTAWLT 60  
GCSVTFLFLFP SQYVDVASLG LVPQLTGGTL YKYNFQMH L DRQQLNDLR NDIEKKIGFD120  
AIMRVRTSTG FRATDFFGGI LMNNTDDEM AAIDCDKAVT VEFKHDDKLS EDSGALIQCA180  
VLYTTISGQR RLRIHNLGLN CSSQLADLYK SCETDALINF FAKSAFKAVL HQPLKVIREI240  
LVNQTAHMLA CYRKNCASPS AASQLILPDS MKVLPVYMNC LLKNCVLLSR PEISTDERAY300  
50 QRQLVMTMGV ADSQLFFYPQ LLPHTLDVK STMLPAAVRC SESRLSEGI FLLANGLHMF360  
LWLGVSPPPE LIQGIFNVPS FAHINTDML LPEVGNPYSQ QLRMIMGIIQ QKRPYSMKLT420  
IVKQREQPEM VFRQFLVEDK GLYGGSSYVD FLCCVHKEIC QLLN 464

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152

(A) LÄNGE: 172minosäuren

(B) TYP: Protein

60 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152

TMLEKIPKEE QEETSAIRVG FITYNKVLHF FNVKSNLAQP QMMGVTDVGE VEVPLLDGFL 60  
VNYQESQSVI HNLLDQIPDM FADSNENETV FAPVIQAGME ALKAADCPGK LFIFHSSLPT120  
AEAPGKLNKRD DKKLVNTOK EKILFQPQTN VYDSLAKDCV AHRLLCDTLP LS 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153

GSTVFTEFVI VLELHGHCIV TIDGSHFYIG GVVHQDSTKE ISGSETCAGT NPHNSIKAYF 60  
LFNIISEVVQ KLLSIQVHLE IVFVKGSSS ELRNQPQRGH VHILTRKEE CHRAAGEPRS120  
PWPMShRLHF GAGKVSSLCL Y 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(A) LÄNGE: 504 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

LDRCGLYPVS SLLQVEGSLW RAAGVFQPPP GLAHANDWRF TARVHGGALG EHDKMVAAAT 60  
GSEILLWALQ AEGGGSEIGV FHLGVPVEAL FFVGNQLIAT SHTGRIGVWN AVTKHWQVQE120  
VQPITSYDAA GSFLLLGCNN GSIYYVDVQK FPLRMKDNDL LVSELYRDPA EDGVTALSVY180  
LTPKTSDSGN WIEIAYGTSS GGVRVIVQHP ETVGSGPQLF QTFTVHRSPV TKIMLSEKHL240  
ISVCADNNHV RTWSVTRFRG MISTQPGSTP LASFKILALE SADGHGGCSA GNDIGPYGER300

# DE 198 17 948 A 1

DDQQVFIQKV VPSASQLFVR LSSTGQRVCS VRSVLGSPTT AFTVLECEGS PPIHSPPKRY360  
LLTGQANGSL AMWDLTTAMD GLGQAPAGGL TEQELNEQLE HCELAPPAPS APSHGCLPSP420  
SPRISLTSLSH SASSNTSLSG HRGSPSPQA EARRRGGGSF VERCQELVRS GPDLLRPPTP480  
5 APWPSSGLGT PLTPPKMKLN ETSF 504

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

- 10 (A) LÄNGE: 289 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

30 GQPARPGAMA AAATAEGVP SRGPFGEVIH LNVGGKRFST SRQTLTWIPD SFFSSLLSGR 60  
ISTLKDETGA IFIDRDPTVF APILNFLRTK ELDPRGVHGS SLLHEAQFYG LTPLVRRQL120  
REELDRSSCG NVLFNGYLPP PVFPVKRRNR HSLVGPQQLG GRPAPVRRSN TMPPNLGNAG180  
35 LLGRMLDEKT PPSPSGQPEE PGMVRLVCGH HNWIAYAYTQ FLVCYRLKEA SGGQLVFSSP240  
RLDWPMRTTG ASQPGCMVGL WVNMTWWQQ PPAARSCYGL CRRKAVAPR 289

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- 40 (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

55 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

60 VPQDQGIPRH HGSCVVQKEV SLSFILGGVR GVPRPLEGHG AGVGGRRRSG PLRTSSWQRS 60  
TKLPPRRRA SACGGLGLPR WPDKEVLLEA EWRLVREMRG EGLGRQPHEG AEGAGGASSQ120  
CSSCSISSCS VRPPAGAWPR PSMVVRSHM AKLPLAWPVS R 161

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

65

- (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

QLWGFAAGSD SRPAMGCDGG TIPKRHELVK GPKKVEKVDK DAELVAQWNY CTLSQEILRR 60  
 PIVACELGRL YNKDAVIEFL LDKSAEKALG KAASHIKSIK NVTELKLSDN PAWEGDKGNT120  
 KGDKHDDLQR ARFICPVVGL EMNGRHRFCF LRCCGCVFSE RALKEIKAEV CHTCGAAFQE180  
 DDVIVLNGTK EDVDVLKTRM EERRLRANWK RKQRNPRQOS LFQNMVSVKK PQGHQKLRQG240  
 SLKKPALILE RRKPTWLPKA QQ 262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

CHRAQWHQGG CGRAEDKDGG EKAESELEKK TKKPAAESV SKPDVSEEAP GPSKVKTGKP 60  
 EEASLDSREK KTNLAPKSTA MNESSSGKAG KPPCGATKRS IADSEESEAY KSLFTTHSSA120  
 KRSKEESAHW VTHTSYCF 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

- (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

HLVLKQTLTP WVSLSFPIR SQPSLLHPCL QHVVHLLGAI EHDDIILLEG SPTRVANFRF 60  
YLFQGSRLRKH TAAAPKEAEP VSAVHLQAHN GADETRPLEV IVLVTFVSF IPFPGRIIRK120  
LQLCHILNAF NVRCCLPKSL FCRFVQEFN DGIFVIKSAK FTGNYWSS 168

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 238 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

HQWHITAMGS QHSAAARPSS CRRKQEDDRD GLAEREQEE AIAQFPYVEF TGRDSITCLT 60  
CQGTGYIPTE QVNELVALIP HSDQRLRPQR TKQYVLLSIL LCLLASGLVV FFLFPHSVLV120  
DDDGKVVVKV TFNKQDSLVI LTIMATLKIR NSNFYTVAVT SLSSQIQYMN TVVNFTGKAE180  
MGGPFSYVYF FCTVPEILVH NIVIFMRTSV KISYIGLMTQ SSLETHHYVD CGGNSTAI 238

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

SSHEDHYVVH QDLRYRAEEV HIGKRSSH LG LPGKIHHCVH VLNLAQAGH CHRVEVGVPD60  
FQGGHDGENY KGVLLIKCDF HHFDAVIIHK D 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

MRKQEEHQT RCQETKQDGQ EDILLSSLRA QSLITVWDQS HQLIYLLCWN VACPLARETG 60  
DAISPGEFHI WELSNQFFLL SFSQQTVPI FLLSPAGGGA SSSGMLRPHG RDMPLVSCPA120  
SSVGGAARTQ RAG 133

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

30

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

50

AAGAAGPHRR RHPLHPSLLR EHHSQAQAP E GVRPGQSTLS RIEAVQPQLP RPSGLPSLWG60  
WLPWLLGTRP QRHPEIPPET QCASTAVRRS A 91

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

10 LDNPTQRNKD QLIRAAVKFL DDTICRYVE EPETLVELQR NEWDPPIEWA EKRYGVEISS 60  
STSIMGPSIP AKTREVLVSH LASYNTWALQ GIEFVAAQLK SMVLTGLID LRLTVEQAVL120  
LSRLEEEYQI QKWGNIEWAH DYELQELRAR TAAGTLFIHL CSESTTVKHK LLKE 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

15

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

CLGLLHPVAD GVGVQKLHGC PDQLILVSLG WVVQSRVAQC GQVHGVVLDG ILLGIPLSTL60  
CTCQGL 66

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

65 SWRETEIKEQ LTEHLCTIIQ QNELRKAKKL EELMQQLDVE ADEETLELEV EVERLLHEQE 60  
VESRRPVVRL ERPFQPAES VTLEFAKENR KCQEQAVSPK VDDQCGNSSS IPFLSPNCPN120  
QEGNDISAAL AT 132

# DE 198 17 948 A 1

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

QILMSHSPPQ AEMASLNEPL VSLILLVVRV AISRPPQAP KSLHRLHLV VASTPPTSWP60  
FGAHFAV 67

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

30

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

50

NGLSKRTTGL LDSTSCSCSN LSTSTSSSKV SSSASTSSCC INSSNFLAFR SSFCCMIVQR60  
CSVSCSFISV SRHE 74

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

10 GRGGLGCRSW RCAGSSRPYS EVFSVALLER GSSCILRIFC ISAPFSSRCH RMPQIGPVPS60  
VNQTSETASL QGQSPSTDEL ERDSEMQRP 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

15 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

35

GPLHFRIPLK LICTWTLTLK RGGFRSLIHR GDRTYLGHM AARREGSRNA KYSQDAGGTP60  
LKERHGENFR VRAR 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

40

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
45 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

60

AVAFQNPQA HLYLSDPEA RRFPSKSDSPR GQDLFGASDG SEKRREPKCK IFSRCRRNPS60  
QGAPRRKLQS TGAMIQHNAR TCSPAHLSP 89

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

# DE 198 17 948 A 1

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

20

PSPAVLGDQP PSASGAVHRK LSLEVCCCQE RAQMGPMVMAA TSTSCGRARL LARSAQWLTT 60  
MLSSAAVWLG SRRLTTCGEN PSYALVAFLC LSRESPSAKP 100

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

- (A) LÄNGE: 495 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

SRTNTPVETW KSGKQKQSYT YIIEENTTTS FTWAFQRTTF HEASRKYTND VAKIYSINVT 60  
NVMNGVASYC RPCALEASDV GSSCTSCPAG YYIDRDSGTC HSCPPNTILK AHQPYGVQAC120  
VPCGPGTKNN KIHSLCYND CTFSRNTPTRT FNYNFSALAN TVTLAGGPSF TSKGLKYFHH180  
FTLSLCGNQG RKMSVCTDNV TDLRIPEGES GFSKSITAYV CQAVIIPPEV TGYKAGVSSQ240  
PVSLADRLIG VTTDMTLDGI TSPAELFHLE SLGIPDVIFF YRSNDVTQSC SSGRSTTIRV300  
RCSPQKTVPG SLLLPGTCSD GTCDGCNHFH LWESAAACPL CSVADYHAIV SSCVAGIQKT360  
TYVWREPKLC SGGISLPEQR VTICKTIDFW LKVGISAGTC TAILLTVLTC YFWKKNQKLE420  
YKYSKLVNNA TLKDCDLPAA DSCAIMEGED VEDDLIFTSK KSLFGKIKSF TSKRTPDGF480  
SVPLKTSSGG PDMDL 495

50

55

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

15 GHNEEISSSG CCRMLAPKSP QACKGAMQGE EAGEAGSASH RMSGPPEDV FSGTESNPSG 60  
VLLEVNDLIF PKSDFLLVKM RSSSTSSPSM MAQLSAAGRS QSLRVAFITS LEYLYSSF 118

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

45 RNTRGHFRAC QRKLKPCSVS TVYKFNRNAC QRGLFEKRVF SEPVLSVQEK GVLLKRKLSL 60  
LEQDVIVNED GRNKLKKQGE TPNEVCMFSL AYGDIPPELI DVSDFECSLC MRLFFEPVTT120  
PCGHSFCKNC LERCLDHAPY CPLCKESLKE YLADRRYCVT QLLEGINSEV SA 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

50 (A) LÄNGE: 248 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

65 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

# DE 198 17 948 A 1

QIGGTVSHSC WKELIVKYLK DELSERKKIY DEETAELSHI. TKNVPIFVCT MAYETVPCPL 60  
HVFEPYRLM IRRSIQTGTK QFGMCVSDTQ NSFADYCCML QIRNVHTLPD CPSVVDTVGG120  
KRFRVLKRGK KDGCTADIE YLEDVKVENE DEIKNLRELH DLVYSQACSW FQNLDRFRS180  
QILQHFGSMP ERRENQAAP NGPAWCWLL AVLPVDFRYQ LSVLSMKSLK ERLTKIQHIL240  
TYFSRDQF 248

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

HSTSYLLDTL LSFCKEDNM VHDLNNAQDN SYRTNVRKGL LLAQKTTSCR ENTRNLRHRL 60  
ILLEYHHKLR KTYRLHWEFL LVFSAYFFHL HLQSHPVLE TFFSAEHLF LELTEQVLR120  
LFFQTVLSGR HFC 133

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

SAVKRGWDLN MAAVVAATAL KGRGARNARV LRGILAGATA NKASHNRTRA LQSHSSPEGK 60  
EEPEPLSPEL EYIPKRGKN PMKAVGLAWA IGFPCGILLF ILTKREVVDK RVKQMKARQN120  
MRLSNTGEYE SQRFRASSQS APSPDVGSQV QT 152

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

20 EGRSAPQVCT PDPTSGDGAL WEEALNLWLS YSPVLNRMF CRAFTCFTRS LSTSRIVRMK 60  
RRIPQGGKMA QASPTAFMGF LPLFLGMYSS SGRGSGSSL PSGELWLCRA RVLL 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

25 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

45 GLATAWASCA LWWTSEARTG IWAKPEDLTV NSLGGSQRSS GLHPRPNIRG RGTLGGSPEP 60  
LALILARVGQ PHVLPSLHLL HTVLVHFEPLG EDEEEDTTRE ADGPGQSHSF HGV LAPLSGN120  
VFQLRG 126

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

55 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

# DE 198 17 948 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

LVKCPKGEFS FHSNKDRFAH SLKQNVAMNI QPLHTYKDVR MIPPTKHTHS HTRTHMHMT60  
RACTHGHMHT HTHT 74

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

ILISFKQRQI CAFTQAECGH EYSAPAYIQR CTHDSPHQAH TQSHTHTHH AHTRVHTRTH60  
AHTAHVNTC THAHTCTHAH TDTL 84

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

VCPCVHVCTC VHVCMCLRVR VCVHVSVCAR ACVHVCVCAC VTVCVLGGGN HAYIFVCMQG60  
LNIHGHIILE 70

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

15 TVKFLRRLKV RGTKAGEISL SPEEGEADGS QQPALFLRVI FKFANCITGG PTFCFYQEFF60  
FCSKTLVMGI F 71

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

YLNQIVLQE GLLSVFIKSF SFVQRHWLWE YFERVRNAGI KRCCRLILKV LTEPV 55

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

KQGRLLTSIC FSLLRTKANL PCFGSPHFQP SQEFHCS 37

## DE 198 17 948 A 1

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

SPLLWFPALS AFSGISLFII YFHDLSAKLL IFCRKKV

37

25

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

MPDFKIARRK QTLRIKKAGH LLNPWLHHKA LGLGFLYLIE VFSVALGAVC LSPTPKDARK 60  
TSTISHVATF TSMPHKCLSE SPNSAFPQNK PNAIRQKKKK 100

50

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

55

- (A) LÄNGE: 256 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

10 RSQAGPEAGQ PLPGSGKRSS CCHCSSGACS MGPLPRTVEL FYDVLSPYSW LGFEILCRYQ 60  
NIWNINLQLR PSLITGIMKD SGNKPPGLLP RKGLYMANDL KLLRHHLQIP IHFPKDFLSV120  
MLEKGSLSAM RFLTAVNLEH PEMLEKASRE LWMRVWSRNE DITEPQSILA AAEKAGMSAE180  
QAQGLLEKIA TPKVKNLKE TTEAACRYGA FGLPITVAHV DGQTHMLFGS DRMELLAHL240  
15 GEKWMGPIPP AVNARL 256

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

20 (A) LÄNGE: 190 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear  
25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

40 SLAFTAGGIG PIHFSPSRCA SSSIRSEPNN MWVWPSTWAT VMGSPKAPYL QAASVVSLSW 60  
FFTFGVAIFS RSPWACSADI PAFSAAARML CGSVMSSFLD QTRIHSSRDA FSSISGCSKF120  
TAVRKRMADK LPFSSITDKK SLGKWMGIWR WCLRSFKSFA MYSPLRGSRP GGLFPLSFM180  
45 PVMRLGRNCR LMFQIF 196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

50 (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

65 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

# DE 198 17 948 A 1

EQRASAMRSS RAFRTVCSSW ATHGQLPAGL DDKTNIKFVC TYWEDFHSCT VIALTDCQEG 60  
AKDMWDKLRK ESKNLNIQGS LFELCGSGNG AAGSLLPAFP VLLVSLSAAL ATWLSF 116

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

KRESGFPTIL YECFQHHRES QRPQRTNGSS SRFPQAWSEC GWARGGSWPH AQKESQVAKA 60  
AERDTRSTGN AGSRDPAAPL PLPQSSNKLP WMLRFLDSFL SLSHISFAPS WQSVRAVTQ120  
LWKSSQYVHT VLMFVLSSRP AGSWPCVAQL EQTVRKALED RIALARCSHG LHQIRYLHRE180  
DQ 182

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

HLANKTQEI KRNKKNQDFP QSYMSVFSIT ENHNVPKELM DLPLDFREHG VSVGGGRAGGA 60  
GPTLRKARS LKLPRETPGA PGTPGAGTPP PRCRCRRVRI SCLGC 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

- (A) LÄNGE: 426 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

15 EIYSLSRFIE VKMSKKISGG SVVEMQGDDEM TRIIWELIKE KLIFPYVELD LHSYDLGIEN 60  
RDATNDQVTK DAAEAIAKKHN VGVKCATITP DEKRVEEFKL QQMWKSPNGT IRNILGGTVF120  
REAIICKNIP RLVSGWVKPI IIGRHAYGDO YRATDFVVPD PGKVEITYTP SDGTQKVITYL180  
20 VHNFEEGGGV AMGMYNQDKS IEDFAHSSFQ MALSKGWPLY LSTKNTILKK YDGRFKDIFQ240  
EIYDKQYKSQ FEAQKIWEH RLIDDMVAQA MKSEGGFIWA CKNYDGDVQS DSVAQGYGSL300  
GMMTSVLVCP DGTVEAEAA HGTVTRHYRM YQKGQETSTN PIASIFAWTR GLAHLAKLDN360  
NKELAFFANA LEEVSITIE AGFMTKDIAA CIKGLPNVQR SDYLNTEFEM DKLGENLKIK420  
LAQAKL 426

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren  
30 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

50 RLLPKHLQRR QALYCYQALL CGLTLWSRQK WKQWDWWTSP VLSGTCGSDG LQSRGQPLLL60  
LSCHLDKPAR WSSCRESHTL GPQSPTARHH HSFYRPR 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

55 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
60 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

# DE 198 17 948 A 1

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

LILIIHPHGN TTTFFKVMYQ VCHLLGSVTW CVGYLYFSRP RNNKISCSVL IPISMTTYDD60  
RFYPSTHKPG DIFADNGFSE DRATQNISYG AIW 93

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 410 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

#### (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

#### (iii) HYPOTHETISCH: ja

#### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

TDQPNIQSVK IHSPLRNPV KGCECPPRRD GFGFIKCVDR DVRMFFHFSE ILDGNQLHIA 60  
DEVEFTVVPD MLSAQRNHAI RIKKLKPGTV SFHSHSDHRE LGTVEKEATE SNPKTTSPNK120  
GKEKEAEDGI IAYDDCGVKL TIAFQAKDVE GSTSPQIGDK VEFSSIDKQR PGQQVATCVR180  
LLGRNSNSKR LLGYVATLKD NFGFIETANH DKEIFFHYSE FSGDVSLEL GDMVEYSLSK240  
GKGNKVSARK VNKTHSVNGI TEEADPTIYS GKVIRPLRSV DPTQTEYQGM IEIVEEGDMK300  
GEVYPPGIVG MANKGDCLOK GESVKFQLCV LGQNAQTMAV NITPLRRATV ECVKQDQFGFI360  
NYEVGDSKKL FFHVKEVQDG IELQAGDEVE FSVIPKSSGG LAGSGACRCF 410

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

- (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

#### (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

#### (iii) HYPOTHETISCH: ja

#### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

LNAILNFFHM EKELLAIYSF IVNEAKLIPI TFHCGPAQGC DVVSHSLCIL AQDTQLELDA 60  
LPFLQAIPFV GHPNDKWDI LTFHIALLHN LNHSVLVSLC WINTPQGANY FARVNGGISF120  
LSNAIH 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

- 5 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

25 KSHTSCNLLS RPLFVTNTKF NLISYLRRSR SFHILGLKSN SQFHPTVIIS NNAILSLLLF60  
AFIWASGFRI GKSGFFFYRA QKTVI 85

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
35 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

ATMRLSVCLL MVSIALCCYQ AHALVCPAVA SEITVFLFLS DAAVNLQVAK LNPPPEALAA60  
KLEVKHCTDQ ISFKKRLLI 79

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
60 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

# DE 198 17 948 A 1

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

SVQCFTSNLA ARASGGGLSL ATWRFTAASL KNKKTWISEA TAGQTRAWAW

50

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

QVAVEKTLET QVEHFYMSHT HIFSLFPPT FSNEKPFLLR YLIGAVLHFQ LGCKSEFWRI60  
KEGNLEVYRS VT 72

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

40

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

60

SFSPSLTTRA MNSSASSTST CSSYTLGTRL PVGGRGPTKV TCCTSNRLTL SLD

53

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:



(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

ALVVRFLTKR FIGDYERNAG NLYTRQVQIE GETLALQVQD TPGIQVHENS LSCSEQLNRC 60  
IRWADAVVIV FSITDYKSYE LISQLHQHVQ QLHLGHPAAC GSWANKSDL LHIKQVDFQL120  
G 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

LLHVLVELAD EFIALVVSDG ENDHHSICPA NAPIQLFTAA QAVLMDLNTW SVLNLKSQGF60  
TFYLNLSIE ITCISFIVTD ESFGEEP HQ C 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

GPLPALAAGS TFPVLACSSA MAPKGSSKQQ SEEDLLQDF SRNLSAKSSA LFFGNAFIVS 60  
AIPWLYWRI WHMDLIQSAV LYSVMTLVST YLVAFAYKNV KFLVKHKVAQ KREDAVSKEV120  
TRKLSEADNR KMSRKEKDER ILWKKNEVAD YEATFSIFY NNTLFLVVVI VASFFILKNF180  
NPTVNYILSI SASSGLIALL STGSK 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

VLHQDSSPSC LLAPNRPQQL HPLALCLWVA CGIWKSSRVV RVGDTRCFYS LEPLKNPAEC 60  
NSVFVYWLF DRLLKLNELK GKLRVLGRLL KGKKCLAMCC NHKRRK 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

STYGQYVVC GVEVLQYEEG SNNDHDQEQS VVIEDGKCCS FIISNFILLP QDSFIFLLPR 60  
HLSIISFRKF SSHFFGNSIL PLLCYFVLEN KFHLVCKGY QICAY 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- (A) LÄNGE: 549 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

LYPNFLVNEL ILKQKQRFEE KRFKLDHSVS STNGHRWQIF QDWLGTDQDN LDLANVNLML 60  
 ELLVQKKKQL EAESHAAQLQ ILMEFLKVAR RNKREQLQEI QKELSVLEED IKRVEEMSG120  
 YSPVSEDSTV PQFEAPSPSH SSIIDSTEYS QPPGFGSSQ TKKQPWYNST LASRRKRLTA180  
 HFEDLEQCYF STRMSRISDD SRTASQLDEF QECLSKFTRY NSVRPLATLS YASDLYNGSS240  
 IVSSIEFDRD CDYFAIAGVT KIKVYEDT VIQDAVDIHY PENEMTCNSK ISCISWSSYH300  
 KNLLASSDYE GTVILWDGFT GQSKVYQEH EKRCWSVDFN LMDPKLLASG SDDAKVKLWS360  
 TNLDNSVASI EAKANVCCVK FSPSSRYHLA FGCADHCVHY YDLRNTKQPI MVFKGHRKAV420  
 SYAKFVSGEE IVSASTDSQL KLWNVGKPYC LRSFKGHINE KNFVGLASNG DYIACGSENN480  
 SLYLYYKGLS KTLTTFKFDI VKSVLDKDRK EDDTNEFVSA VCWRALPDGE SNVLIAANSQ540  
 GTIKVLELV 549

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

GTVLSSLTGE YKPLISSTLL ISSSKTLSSF WICSSCSLLF LLATLRNSIR ICSWAACDSA60  
 SSCFFFTSN SNIRLTAKS RLSWSVPNQS 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

15

FPSSLLFFFF FFFFCGSIN FYCFVIYFYS KEFVSLSQKL DNTTKSSNVH GVTLMVESWL60  
GIPNVPKVIK EGKEKKKKIF KTNPKPMMTL GRDIT 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

20

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

40

KKMVRGLGFS CLLAIYSLW IVCIPYLLSI GLCVDILFLF VQHLLPHLLV TQPLFICGEP60  
IPCGLGEHVT RPGLLSPTAS 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

45

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

LKKGKWAKAI HNRKCKWPRN MKRCSSSLIF KEKKEILPTR LAKIFKDSGL ADYRQTGILT60

NDGVVNW

67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

SPEVGQALGT AGSRASRMT SELSSLSISA SIRVSPQDS LHMAQIQAYM VLGSWDLHKA60  
 FFPVVP AEVL LRAFLSLA 78

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

QAGKRALYKH TQTNTSGDGC VLLEQRLIKH SVCWLSVPLL ENNELGKEQL IRKCALLTVH 60  
 ITTKSWQLLK EKGLCRCRSN LSVNSCQQPQ RLPPQHTLIT CVCLA 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

- (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

10

LSLTSRMEEA ELVKGRQLQAI TDKRKIQEEI SQKRLKIEED KLKHQHLKKK ALREKWLLDG 60  
ISSGKEQEEM KKQNQQDQHQ IQVLEQSILR LEKEIQDLEK AELQISTKEE AILKKLKSIE120  
RTTEDIIRSV KVEREERAE SIEDIYANIP DLPKSYIPSR LRKEINEEKE DDEQNRKALY180  
AMEIKVEKDL RTGESTVLSS IPLPSDDFKR SRSKSL 216

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

20

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

40

FCFFISSCSF PLLIPSRSHF SLKAFFFKCW CFSLSSSIFR RFCEISSCIF LLSVMAWSLP 60  
FTSSASSILE VKDSQTGKQV QSYHKSRSLG GERSGGDRRE AGRNPLFAPV EK 112

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(A) LÄNGE: 339 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

SSQLRRRLVP APAAPRRPN HGVLGRRLRG DRWCNSPWAK WAMLFASGGF QVKLYDIEQ 60  
 QIRNALENIR KEMKLEQAG SLKGSLSVEE QLSLISGCPN IQEAVEGAM IQECVPEDLE120  
 LKKKIFAQLD SIIDRVILS SSTSCLMPK LFAGLVHVQ CIVAHVPVNP YYIPLVELVP180  
 5 HPETAPTTVD RTHALMKKIG QCPMRVQKEV AGFVLNRLQY AIISEAWRLV EEGIVSPSDL240  
 DLVMSEGLGM RYAFIGPLET MHLNAEGMLS YCDRYSEGIK HVLQTFGPIP EFSRATAEKV300  
 NQDMCMKVPD DPEHLAARRQ WRDECLMRLA KLKSQVQPQ 339

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 15 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

KDPQITQKGI TKIITKIFCP HINMKTTITG CQILKCNQA EKEKVKISRL SAQVAGNRQP 60  
 RERKCCCAAR PRAMIQSDGQ TTGLHHTQA AHKTASLGSP WAATYVTEG 109

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
- 40 (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 50 (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

60 LNIPSALRCM VSRGPMNAYR MPNPSDMTRS RSLGDTIPSS TSRQASLMIA YCRRFRTPKA60  
 TSFWTRMGHC PIFFIRAWVL STVVGAVSGW GTSSTSGM 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- 65 (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

TMFFTCGPNE AMVVSQFCRS PPVMVAGGRV FVLPCIQQIQ RISLNTLTN VKSEKVYTRH 60  
GVPISTGIA QVKLSEPFPH SPLPHHPLSQ TLRHLLATVF STLACREVPL LVSSFPGTPT120  
HLPPPPFFP 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

DGDPMASVNL FTLIDIEGQCV ERDPLDLLDA GQDKDTPSSH HDWGASAEPG DHHGLIWATS 60  
EKHSGSWSFR DAGGSPAGVS GRAGSRRDLG AGQGPLADQL SWELAPSRVP HPAAPRCC 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:



# DE 198 17 948 A 1

WPSGGPLTSP GQCQSQPPS SPATSDRRPP TSPCSAPGFL EVARVGVGVV WWSHEVRGK 60  
AEREGRALSE MLLPFQKKK GGGKCLGVPG KDTSRGTSI QARVEKTVAR RCLNVWERG 119

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 10 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

GRRTLFLATF GGYPGSLGCS LSGEANISLV SFFHPLNCKL RITQAHHSYR LGLASQSTLC60  
30 PACHCKELL LCQPKQRYG FSCIIFPGW EVF 93

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
- 35 (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

55 NLIYPNSSMY SDTFSEKARI IGAVLSIKGK SSDHLHYNFL CLFSAGEEIH IYSTPHWTQ60  
NACIFCPSAI CSLPFCLLKE LSNIIVPKMF STGH 94

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

- 60 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 65 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

GHHMHILDRF CTAQLEWVPV TWTGVQYTIC VQYRKPSSAV ARELYSNSLS AQANQVRKTA60  
IWLEDFQETA VPRGRYYLR GGRGTDIKQE GF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

RGKRRRHRLP ALPPRLSPS AATMSASAVF ILDVKGKPLI SRNYKGDVAM SKIEHFMPLL 60  
VHGEEEGALA PLLSHGQVHF LVIKHSNLYL VATTSKNANA SLVYSFLYKT IEVFCEYFKE120  
LEEESIRDNF VIVYELLDEL MDFGFPQTTD SKILQEYITQ QSNKLETGKS RVPPTVTNAV180  
SWRSEGIKYK KNEVFIDVIE SVNLLVNANG SVLLSEIVGT IKLVFLSGM PELRLGLNDR240  
VLFELTGRSK NKSVELEDVK FHQCVRLSRF DNDRTISFIP PDGDFELMSY RLSTQVKPLI300  
WIESVIEKFS HSRVEIMVKA KGQFKKQSV NGVEISVPVP SDADSPRFKT SVGSAKYVPE360  
RNVVIWSIKS FPGGKEYLMR AHFGLPSVEK EEVEGRPPIG VKFEIPYFTV SGIQVRYMKI420  
IEKSGYQGPA LGFRYIHPEW AITNFRYQLG RGEEMGGF 458

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

LVTKVGNRPL WNVAKPQGR ALVTTFLNDL HVSDLDPRDG EVGDLKLDPD GGPALHLFLF 60  
HTGEAKVGSH QVLLAPRERL NTPNHVSLR HILGAHTGL ESGGVGIAGY RHRYLHTVGH120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

(A) LÄNGE: 246 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

GISNLTPMGG RPSTSSFSTL GRPKWARIKY SLPPGKDLIL QITTFLSGTY LALPTLVNL 60  
GESASLGTGT DISTPLATDC FLNCPLALTM ISTRWENFS MTDSIQISGL TWVLRYYDMS120  
SKSPSGGMKE MVRSLSKRES RTHWWNFTSS SSTDLFLLRP VSSKSTRSLR PSRSSGIPDR180  
NTLSLMVPTI SLRRTLPLAL TSRLTDSMTS MKTSFFLYLI PSERQDTALV TVGGTRDLPV240  
SSLLLC 246

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

(A) LÄNGE: 275 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

MNTRLQVEHP VTEMITGDL VEWQLRIAAG EKIPLSQEEI TLQGHAFEAR IYAEDPSNNF 60  
MPVAGPLVHL STPRADPSTR IETGVRQGE VSVHYDPMIA KWVWAAADRQ AALTKLRYSL120  
RQYNIVGLPT NIDFLLNSG HPEFEAGNVH TDFIPQHHKQ LLLSRKAAAK ESLCQAALGL180  
ILKEKAMTDT FTLQAHDQFS PFSSSSGRRL NISYTRNMTL KDGKNNVAIA VTYNHDGYS240  
MQIEDKTFQV LGNLYSEGDC TYLKCSVNGV ASKAK 275

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

SEVIILENTI YLFSKEGSIE IDIPVPKYL SVSSQETQGG PLAPMTGTIE KVFVKAGDKV 60  
KAGDSLMMVI AMKMEHTIKS PKDGTVKKVF YREGAQANRH TPLVEFEEDD SDKRESE 117

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

30

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

50

SLRFTSNSIN RTFQVSAVSL AVKITKDLES FIFNLHAIRP IMVIRYSYGY IVFTIFKSHV 60  
SGIRDIQSSS TARRKWRELI MCLKSESVGH GFLEDETQG CLA 103

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

- (A) LÄNGE: 234 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

10 ADKMFLPLP AAGRNVVRL AVRRFGSRSL STADMTKGLV LGIYSKEKED DVPQFTSAGE 60  
NFDKLLAGKL RETLNISGPP LKAGKTRTFY GLHQDFPSV LVGLGKKAAG IDEQENWHEG120  
KENIRAAVAA GCRQIQDLEL SSVEVDPCGD AQAAAEAVL GLYEYDDLKQ KKKMAVSAKL180  
YGSQDQEAQ KGVLFASQGE LGHANLMGDA SQLRLTPTRF CRNYLRRFSK LVVS 234

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
20 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

40 LPILKIFSNN FGKIWLASIS IGWRLPSNWR AQVLAQKQTG LLSARPPDPH FHRALPTQPS 60  
SFFALGHRH RDQAPLPPQQ PERLHRDPPP QTRAPGLESA CTPLQQQL 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
45 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

65 CFLCLHASFP VRRFQLPFCR GQLAPRWGSP DADHKRFESS LPSEVVQICS KSLSAFQLTI60  
YQNSLLHL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

## DE 198 17 948 A 1

- (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

20

QVRRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRLL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60  
RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIQQLATYC120  
ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLKRD LELLVVDEAD180  
LLFSLWL 187

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

30

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

50

DIGHSDIPST VGSQLLNHGL CLPCQLLGRN KNKASHCLFY HRTCRLPMEQ QLQHRNSISG60  
RLPGARAGPS QEVLPF 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

55

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

10 TGLCNISLS ACTSSLKVAD MRKALLKSGG KVTRGRLLLEL FFKAKGKKEG QLRPPPKAPG 60  
SHEVSGCLAA SGLICEMGSL LPHLASPSAQ LSERLSLQQL RHWPLGHPEH SR 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

15 (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

35 CHARLNTDSS RLAMKLLMVL MLAALLLHCY ADGCKLLED MVEKTINS DI SIPEYKELLQ 60  
EFIDSDAAAE AMGKFKQCFL NQSHRTLKNF GLMMHTVYDS IWCNMKSN 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

40

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

60

LVEETILLEFP HSLCSGITVY ELLKKLFVFR YRYVGIDGLF NHVLQEFAAR ICIAVQEEGR60  
QHEDHQQHLG EAAAVCVQSC VA 82

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

|                                                               |    |
|---------------------------------------------------------------|----|
| (B) TYP: Protein                                              |    |
| (C) STRANG: einzel                                            |    |
| (D) TOPOLOGIE: linear                                         | 5  |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                          |    |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                        | 10 |
| (vi) HERKUNFT:                                                |    |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                        | 15 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:                     | 20 |
| LLFILHQMLS YTVCIISPKF FRVLCDWLRK HCLNFPIASA AASLSMNS          | 48 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:                          | 25 |
| (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren                                     |    |
| (B) TYP: Protein                                              |    |
| (C) STRANG: einzel                                            | 30 |
| (D) TOPOLOGIE: linear                                         |    |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                          |    |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                        | 35 |
| (vi) HERKUNFT:                                                |    |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                        | 40 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:                     | 45 |
| QAVGEKLSSR DSDLMEDRCF PHFSFSPKKV LLLSPFKQPV SLNFCGHGTD KDPVFS | 56 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:                          | 50 |
| (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren                                     |    |
| (B) TYP: Protein                                              |    |
| (C) STRANG: einzel                                            | 55 |
| (D) TOPOLOGIE: linear                                         |    |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                          |    |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                        | 60 |
| (vi) HERKUNFT:                                                |    |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                        | 65 |



(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

5 IFVAMGQTRT PSSAELRKSP ATSLAIKLQP SHPTRASEEW PLLAGNPLQW AS 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

- 10 (A) LÄNGE: 243 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

30 WPKMSQDFSL VQLKTGSLSV PWPQKFRLTG CLKGDRSRTF LGEKEKWGKQ RSSIRSESL60  
ESFSPTA 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

- 35 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

55 GSSWAEDFKC DISVPKTSLL FAQSCRSMYF LLQYVPIYKF ISHTYNRAHV CTCTRTHTHS60  
LSTR 64

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
65 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

# DE 198 17 948 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

SGPLLPAKNR EVAGLKTLSV TFQFLKHHCY LLKVVGLCIS FSNTSPFISL FPIHTTVHMC60  
ARAHATHTH SQLV 74

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

ARIQTPEQHS QVTLEFDYNEE MKMGGYLKIG IPSALKVSKL LTCEQHRTPL LWSSFQLRML60  
QFSKSIYYS 69

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

45

(A) LÄNGE: 236 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

65

QLRGGVQRHD RREGEMVCVE LVASDKTNTF QGVIFQGSIR YEALKKVYDN RVSVAARMAQ 60

# DE 198 17 948 A 1

KMSFGFYKYS NMEFVRMKGP QGKGHAEMAV SRVSTGDTAF CGTDEDSSPL 3PMHEHNTSF120  
SRPPTPERNN RPAFFSPSLK RKVPRNRIAE MKKSHSANDS EEFPRDGG ACLHNZTNLR190  
SRSLSGTGRS LVGSWLKLNK ADGNFLLYAH LTYVTLP LHR ILTDILEVRQ KPILMT 236

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

DEEVALGQRQ RGVLPGGRRW SRSAQCNPQA VSVFVGHRTV PGRVLAEAEQ SRWKLP SLCT 60  
LNLRHVAAAS DFNHRPGSSA EAHPPDLAAC GACAEP RGP ALGVLP SAYL STATGVCDGT120  
PVLEPQPGEA TRLPGGPPTA RPAQTEVPL TGPAGAASAL C 161

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

VCIEKEVSIC SVQLQPGPDQ GPSCARQGPR PQVGCIVQIG STVVLPEELL AVVGRVRLH 60  
LSDPVPGLHP LEGWGEEGRP VVPFWGGGSA EGGHPLVHGR SWAGVLFSP GGCVTCRHS120  
DRHLGVALAL GALHAHKLHV AVLVEAKRHL LCHAGGHAHP VVIHLERLV ADGALKDDPL180  
ERVGFVTSHQ LHTDLSFPT VMSLNTSSKL SIMKKMLG 218

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

# DE 198 17 948 A 1

- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF 5
- (iii) HYPOTHETISCH: ja 10
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH 15
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:
- YPQDPPGGAS RRLDDLELC PGEKTAPVWA LSAEEEEAMH FSLAFFLHGS SVFLQITCCH 60  
EFLCMRHISS CLYAEVPPFIL SIGWWTGERG PRCPTSCASA VGGDRAPRHG GGGHLPVWG120  
GRRHPGTEGS LQR 133 20
- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251: 25
- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel 30  
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF 35
- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH 40
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251: 45
- RLPSVPGCLR PPQTCGRCPP PPCLGARSPP TALAHDVGH L GPLSPVHQPI ERMKGTSAYR60  
HDEICLMHKN S 71 50
- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252: 50
- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein 55  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF 60
- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH 65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

5 RGLQHTDMMK YASCIKIHDN MLFAKKQTNH AGKMPGKSAW QLPPQHSGPT QERFSPQDTA60  
PSRPEASVMP LLAGPEGIRA PLLLTVDAAAT HSMQH 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

- 10 (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

QKKKMSFRKV NIIILVLAVA LFLVLHNNF LSLSSLLRNE VTDSGIVGPQ PIDFVPNALR 60  
HAVDGRQEEI PVVIAASEDR LGGATAAINS IQHNTRSNI FYIVTLNNTA DHLRSWLNSD120  
35 SLKSIRYKIV NFDPKLLEGK VKEDPDQGES MKPLTFARFY LPILGSQRQR KARLHGVDV180  
ICGRWDFLPF TLQQ 194

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

- 40 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

RFHGFPLVRI LLYFSFQKFR VKIDNFVSDA FQGITVEPGP EMVCCIVESN NVENHIGASV 60  
VLNAVYSCNG PPKPVFRCSO DHRNLLLSPI YCMSESIWDK VYRLRPYNS 109

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren

|                                                                   |     |
|-------------------------------------------------------------------|-----|
| (B) TYP: Protein                                                  |     |
| (C) STRANG: einzel                                                |     |
| (D) TOPOLOGIE: linear                                             | 5   |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                              |     |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                            | 10  |
| (vi) HERKUNFT:                                                    |     |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                            | 15  |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:                         |     |
| NLAKVKGFMD SPWGSSTFT PSKSLGSKLT ILYLMLFRES LLSQDRRSA VLLRVTM      | 20  |
|                                                                   | 57  |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:                              | 25  |
| (A) LÄNGE: 230 Aminosäuren                                        |     |
| (B) TYP: Protein                                                  |     |
| (C) STRANG: einzel                                                | 30  |
| (D) TOPOLOGIE: linear                                             |     |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                              |     |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                            | 35  |
| (vi) HERKUNFT:                                                    |     |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                            | 40  |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:                         | 45  |
| LPAATNRLKR GKSGSTGSSS GNHGGSGGN GHKPGCEKPG NEARGSGKSG IQGFRGQGV   | 60  |
| SNMREISKEG NRLLGGSGDN YRQGSSWGS GGGDAVGGVN TVNSETSPGM FNFDTFWKNF  | 120 |
| KSKLGFINWD AINKNQVPPP STRALLYFSR LWEDFKQNTF FLNWKAIIEG ADASSLQKRA | 180 |
| GRAESELQLQ PACVSHCLWW EVLSQDPCKG GSHLLPRLP GCNLGLLAVG             | 230 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:                              |     |
| (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren                                        | 55  |
| (B) TYP: Protein                                                  |     |
| (C) STRANG: einzel                                                |     |
| (D) TOPOLOGIE: linear                                             | 60  |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                              |     |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                            | 65  |
| (vi) HERKUNFT:                                                    |     |

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

10 TRTRSRFPAP EPSSTSADSG RISNRTLSS TGKQLLRVRT RHHCRNVQAE PSQNYNYNQH 60  
AYPTAYGGKY SVKTPAKGGS LTFFLGFPGA TWACLQLGEV LVRQFLATNH RRPRKKHWVR120  
QGKLLPPLGP PALWQAPGPG L 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

- 15 (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

RVRTLNNCFP VEERSVLFEI LPESAEVEEG SGAGGRDLVL VYGIPVDETQ LGFKILPESV 60  
KVKHPRRRLR VHSIDSTNSV TSSTAPARPL PPIIVSRASK EAIALFAYFP HVAGNSLSSE120  
ALNPRFPAPA GFIPWLFTPG FMSISSAAPT VVAGGGAGAG SLPPL 165

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

- 45 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 55 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

ERSHLQPGAV GITESPILGL GSAMTEIGW WKLTFLRKKK STPKVLYEIP DTYAQTEGDA 60  
EPPRPDAGGP NSDFNTRLEK IVDKSTKGKH VKVNSGRFK EKKKVRATLA ENPNLFDDHE120  
EGRSSK 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

## DE 198 17 948 A 1

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear 5
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF 10
- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT: 15  
(A) ORGANISMUS: MENSCH
- : 20
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:
- YVLNTIIVGK GEEKIPHPLP RFGPCSFPLR VCDLPsAKVM AKTGTNRPNY HQSSLLQHPN 60  
RVPGSSVPSA PEGKVPGSLL PVLGGELKFS VSAGSTETS PYHVASGKCA LLRIGPGSSH120  
R 121 25
- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:
- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren 30  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear 35
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja 40
- (vi) HERKUNFT: 45  
(A) ORGANISMUS: MENSCH
- : 45
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:
- TRVPLYVVRG RVEDPGISQA LQKWRHINTN LKNshFLPAG INWPHSFSYG QRGQRGKVLs60  
QIWLmAGSQE VLAPSSALHF DDRPSS 86 50
- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262: 55
- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel 60  
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF 65
- (iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

10 GSGSPAPRKL HDFALCSAPL CPLFPRETSL SHIFLTDFEA VCLHSDWEHW DHFHHADSGG60  
NGCIPFHDPT CVY 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

15 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

35 FVAMCSKQAS LNHGLLGLTL VFLGPLNRHR SGHGKGYIHY HHCRRHDENDP SVPNQANRQ 60  
LQNQSRKCGI WKSLLERGGR GELSRGRNRA VYAE LGTPSL RARGGR 106

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

45 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

65 VLRWYSSOPS IDTGRVMERD TSITTTVGMM KMIPVFPIRM QTDSFKISQE NVGSGSLSWK60  
EGAEGS 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

## DE 198 17 948 A 1

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

20

GCACFRPPSP AGGARTSAGR SPSSADVGSR TQSRSRRAA HSRCCVAFPS SFTPRSRRRP 60  
KRRRRRRREND PAASSLPPAH LPCSVSQSAA GARLVLRPRA CGAQAQRP 108

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

GAPAFALLLQ REGRLPRGG VRLVTLAAE PKVDRGGGLH IPVVALRFLP LSLRAHGGGQ 60  
SGGDGGARTT RRPVLFLLRT CPARSVSRRP APGLCSDAL AAPRPSGRS 109

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

55

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

IEAAGCTFPL LRCVSFLFHS ALTAAAKAAA TAARERPGGQ FSSSCAPALL GQSVGGRRPA 60  
CAQTSRLRRP GPAAVASVWP ENLGAPAARA PRAEPRSGSR GGRRVSESEG WPGQVVAPRR120  
10 WSPSKGSVWP TRSTARTSPS AATSPRPREM PPKRRRL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

15 (A) LÄNGE: 156 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

SSAQGEEPGP GRRLLRAPTE SRSEGKSMFA GVPTMRESSP KQYMQLGGRV LLVLMFMTLL 60  
HFDASFFSIV QNIVGTALMI LVAIGFKTKL AALTLLVWLF AINVYFNAFW TIPVYKPMHD120  
40 FLKYDFFQTM SVIGGLLLV ALGPGGVSM D EKKKEW 156

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

45 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

LGACSWWWPW ALGVSPWMRR RRSNGSHRSL PAWLRPVAVK DWFGVDSTKL PAFMYPLPFP 60  
65 SLGKGTDLVR TLFAETPENR WLSLLWSHSL ASDPSVQASL AAGSLPHAEA LE 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

# DE 198 17 948 A 1

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

20

SQRVCKYSPG SLLPYPRILV RSSNGFRTWV LFSCDHSSAH CMKTGLSQCF NLTRAVSWST 60  
PRSLLPYDS PHQMTLAKSR FLCGQGWLD WVKVGWTKGG HVSSQHQFCT SSASVLVGVP120  
VSPGPGWARA 130

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

- (A) LÄNGE: 267 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

GTSGTSHLHP RSICMIQKYN HDGEAGRLEA FSQGESVLKE PKYQEELEDR LHFYVEECDY 60  
LQGFQILCDL HDGFSGVGAK AAELLQDEYS GRGIITWGLL PGPYHRGEAQ RNIYRLNLTA120  
FGLVHLTAHS SLVCPLSLGG SLGLRPEPPV SFPYLHYDAT LPFHCSAILA TALDVTVPY180  
RLCSPVSMV HLDMLSFCEG KKVVTAGAI PFPLAPQSL PDSLMQFGGA TPWTPLCAG240  
EPSGTRCFAQ SVVLRGYRQS MPHKPQT 267

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

10 QVARVAGPGS HPRTRGRQES CEQSGARDQK LCLIDDRCS GPPHDGRDQV AGPRLFPAL 60  
NIHLVAALPP SRLPQRSHRA GHTGSGSPAS SHIPPRNAA CPPALPGTWV PLGHFPLG 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

15 (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 273:

35 LGKATCSRRL PTCTQWGPWG GSSKLHQGIR KGLAWSQGER DDCSCCHHLF PTEAQHVSQM 60  
NHGNWRGTQA IRNSDCVQGC SQDGTAVEGQ SGIIMQVREA DRWLGSQAQA PTQGQGADKR120  
AVSSQVHETK SCV 133

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

45 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

65 PQAWRRCLRC CSARPVAPGA RRLVPCRTPT RQAGGTCHH PAAFRGRSRH IPVPHALGFG 60  
ASAGRSVPLQ ALSQSPGAAD LQVFSTGAAP VIHTRLEDP ILGATLPAGP IRCRAVGLVP120  
RHCH 124

# DE 198 17 948 A 1

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

- (A) LÄNGE: 426 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

GSSRRHGGGY AAVALLVLLL LGPGGWCLAE PPRDSLREEL VITPLPSGDV AATFQFRTRW 60  
DSELQREGVS HYRLFPKALG QLISKYSLRE LHLSFTQGFV RTRYWGPPFL QAPSGAELWV120  
WFQDTVTDVD KSWKELSNVL SGIFCASLNF IDSTNTVTPT ASFKPLGLAN DTDHYFLRYA180  
VLPREVVCTE NLTPWKLLP CSSKAGLSVL LKADRLFHTS YHSQAVHIRP VCRNARCTSI240  
SWELRQTLVS VFDAFITGQG KKDWSLFRMF SRTLTEPCPL ASESRYVVDI TTYNQDNETL300  
EVHPPPTTTY QDVILGTRKT YAIYDLLDTA MINNSRNLNI QLKWKRPPEE EAPPVPFLHA360  
QRYVSGYGLQ KGELSTLLYN THPYRAFPVL LLDTPWYLR LLHPLPACPG PAATPPPGDA420  
DSAAGQ 426

25

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

35

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

55

SPSILYGSCT CHSHKAFGGP DTGGHPSCR P HQVQSCGSGS KTLSLMWINL GRSSVMSSQG 60  
SSAPLSTSSST PPTQSLPLPP SNPWWPMTL TTTFCAMLCC RGRWSAPKTS PPGRSSCPVV120  
PRQASLCC 128

60

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

- (A) LÄNGE: 481 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

15  
AQDTGGPGRQ SGHGGDLQIP ISLFLRRLNT QHWRPGSRKV MAVVPASLSG QDVGSFAYLT 60  
IKDRIPQILT KVIDTLHRHK SEFFEKGHEE GVEAEKKAIS LLSKLRNELQ TDKPFIPLVE120  
KFVDTDIWNQ YLEYQQSLN ESDGKSRWFY SPWLLVECYM YRRIHEAIIQ SPPIDYFDVF180  
20 KESKEQNFGY SQESIILCT HLQQLRTIE DLLENQLKDE FFKLLQISLW GNKCDLSLSG240  
GESSSQNTNV LNSLEDLKPF ILLNOMEHLW SLLSNCKKTR EKASATRVYI VLDNSGFELV300  
TDLILADFL SSELATEVHF YGKTIPWFVS DTTIHDFNWL IEQVKHSNHNK WMSKCGADWE360  
EYIKMGKWVY HNHIFWTLPH EYCAMPQVAP DLYAELQKAH LILFKGDLNY RKLTGDRKWE420  
FSVPFHQALN GFHPAPLCTI RTLKAEIQVG LQPGQGEQLL ASEPSWWTG KYGIFQYDGP480  
25 L 481

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

30 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

50 FHSVSTNFS TKGINGLSVC NSFRNLERRE IAFFSASTPS SPCFSKNSLL CRCNVSITLV 60  
KICGILSLIV RYANDPTSCP ERDAGTTAIT FRDPGRQCW' FHRRRNREIG ICKSPPCPDC120  
RPGPPVSC 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

55

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

60

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

: 5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

ELLNQVKGDH RTEIFHIFQW STSWAQRPGA VPLAQADQP EFQLLMELWY RVVQDGSSE60 10  
PDEMEQKTPI FCHLSTSCNS NHP 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

15

(A) LÄNGE: 168 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

35

FYDRRDCFVA VSFLRGLSLW LHFYLWWLCY GGAEMRQKRK GDLSPAELMM LTIGDVIKQL 60  
IEAHEQGKDI DLNKVTKTA AKYGLSAQPR LVDIIAAPP QYRKVLMPL KAKPIRTASG120  
IAVVAVMCKP HRCPHISFTG NICVYCPGGP DSDFEYSTQS YTGYEQPP 168 40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

GGTAAMISTR RGWAERPILA AVLVFTLFRS MSFPCSWASI SCLITSPIVS IISSAGLRSP60 65  
FRFCLISAPP 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:



- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

IDVFPLLVGF NQLFNISYS QHHQLSRAEI SFLLPHFCA AVAEPPEIKM QPQTQTTEKA60  
DSHKTIPPVV K 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

KPRQLPNMAF LPSPAWWISL LAVPPQYRKV LMPKLKAKPI RTASGIAPVA VMCKPHRCPH 60  
ISFTGNICVY CPGWDLILIL SIPPSLTLYG EPTSMRSYSV POMDFFPYRT RTPD 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

WVSPLTWASR PCDTEEGRQA MISTRGWAE RPYLA AVLVF TLFRSMSFPC SWASISCLIT 60  
SPIVSIISSA GLRSPDYGGF TTRPGSNILG SRVGHYTHQT MEDSPPDQEA TAWAPELATP120  
PCTDEDR 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

PHTTNPTCFK LFLIRCPCPV RKRVIWHGI APHGGWLIAQ CKTGWNTQNG NQVPPRAVYT60  
YISCKTDVWT SVGFHHSHD SNPTSSSDGF RL 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

DLSRPGGTRF VLTQQTFES KVFVQDNFKN NIKINNGFDF SLKIEKKGVG GGVNHWPPFF60  
WRGPIGIVRP WGSGLS 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

20 RTFVLFYHRL TLQLLINTSF GDVWCKTHKH TQKSTSPLHD PSLLSGTISA ASCTLLGPPP60  
IHRGFRGTQI TAGFQFFFN TFLWSVPTAL SVLLKLE 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

25

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

45

ILHLEMYGVK HTNTHKKAQA RCMTRL SFLG LFLLRPA PSW AHLRFTEVSG GPKSLLVFN60  
FLTIHF CGQF QHCPYF 77

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

(A) LÄNGE: 26 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

55

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

# DE 198 17 948 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

ILIDGVRAAF IPYREYNGAR LSRDFISA

28

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

- (A) LÄNGE: 26 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

HQFHNYFNLL GFHLLIILKF HQQWGTEK

28

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

APGPQAILII NLNRWGKSL HPIQRIQWC

29

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

- (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

AEIKSLLSLA PLYSLYGMKA ALTPSIKIYY

30

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
20 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

AMKVL SFLLC IRISFLFVVE SIVRGISKLN EVN

33

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren  
45 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

AINKVSSGYG PLALLGFSVS VEAAQRISLN FSQWLLT

38

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

20

FTSFNLLIPR TILSTTNRNE ILIHKRKLKT FIAYVGLSNK

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:

25

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

45

VNLLKYGQIH LAVKQLNIHC YLIKVFVSVL PGPNIKTTSV QKINVQRAVC SLFWYVHFKK60  
TPLSSLANQE Y 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:

50

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

65

# DE 198 17 948 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

5 RFYLYFILSR GTNSRHTFAR PSCRKTQSRK GKNKIAIKYM VLGAGRTRNP QGDQFLARSF60  
FRVYPVE 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

- 10 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

30 KNLEFFSPST SYLLLQNSSE GFYIILSYPE GPTAGIPLPG LLAERHRAVK AKIKLQ 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

- 35 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

55 TPNSRGAGRV VRGSARGVGR SCASWLPVGR RCRTSETGSG ASRRSRAIGS PPPSPCPWSA 60  
NSASSARPTS SSGPKPSFIA FRFGGQSLPP FISLWVQELD FFIWSIYISY ISILRDLKQE120  
LLMGGQQTII SCSSLTGFAS 140

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

- 65 (A) LÄNGE: 279 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

QSRSRPRREG VGTGSRVLC ILATCGSKMS DIGDWERSIP AITRYWFAAT VAVPLVGKLG 60  
LISPAYLFLW PEAFLYRFQI WRPITATFYF PVGPGTGFLY LVNLYFLYQY STRLETGAFD120  
GRPADYLFML LFNWICIVIT GLAMDMQLLM IPLIMSVLYV WAQLNRDMIV SFWFGTRFKA180  
CYLPWVILGF NYIIGGSVIN ELIGNLVGHL YFFLMFRYPM DLGGRNFLST PQFLYRWLPS240  
RRGGVSGFGV PPASMRRAAD QNGGGGRHNW GQGFR LGDQ 279

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

(A) LÄNGE:106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

IDQIKKSSSW THREIKGGSD WPPNLKAIKE GFGPEEEVGR ADEAEFADQG HGDGGGEPIA 60  
RDRRDAPEFV SDVRHLRPTG SQDAQDRPTP RADPLTTRPA PRLGTV 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

(A) LÄNGE: 207 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:



(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

5 LEPLPNRLE LKKGYLTLSG SGDKVAWEWD KDHGVLHSL AEKGRGMELS DLIVFNGKLY 60  
SVDDRTGVVY QIEGSKAVPW VILSDGDGTV EKGFKAEWLA VKDERLYVGG LGKEWTTTGT120  
DVVNENPEWV KVVGYKGSVD HENWVSNNYA LRAAAGIQPP GNLIHESACW SDTLQRWFFL180  
PRRASQERYE EGRRAQGRQ PAERLP 207

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 15 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

35 RWWATRAAWT TRGCPSTTP CGLLPASSRQ VTSSMSLPAG VTRCSAGSSC RAAPARSATA 60  
RKDDERKGAN LLLSASPDFG DIAVSHVGAV VPTHGFSSEK FIPNTDDQII VALKSEEDSG120  
RVASYIMAFT LDGRFLLPET KIGSVKYEI EFI 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

- 40 (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

65 VGTAPTWT LT AMSPKSGEAL SSRLAPLRSS SFLAVALLAG AARQEEPALQ RVTPAGRLMD 60  
EVTWRLDAGS SPQGVVVGHP VLVVHAALVA HHLHPLRVLV HHITRSGRPL LAQAAHVQTL120  
VLHCQPFGL E AFLHGAVAVG QNHGPGHFAA FDLVDDPRPV IHGVEFPIEN NQVG 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren

DE 198 17 948 A 1

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

20

KLVCLEADSK SSFSSEHLFS YHLISILKHH GCSCSKMGDV KENYLETFIS SPKWSFILCL60  
S 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

25

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

NTMAVAAVKW VMSKRTILKH LFPVQNGALY CVCHKSTYSP LPDDYNCNVE LALTS DGR TI 60  
VCYHPSVDIP YEHTKPIPRP DPVHNNEETH DQVLKTRLEE KVEHLEEGPM IEQLSKMFFT120  
TKHRWYPHGR YHRCRKNLNP PKDR 144

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

55

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

10 IHQTAFSOMA NEAHFSLIPP GTSASSVFWR IQILTTSVIP SMRIPTVLSS KEHFAKLFYH 60  
RSFLKVENFF FQSGFQHLIM CFFIIMHRIW PRDRFCVFIW NVHRRVVAYY CPAIRSQSKL120  
YVAIIVIW 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 308:

15

(A) LÄNGE: 467 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

40 SRSKMAALRA LCGFRGVAAQ VLRPGAGVRL PIQPSRGVRQ WQPDVEWAQQ FGGAVMYPSK 60  
ETAHWKPPPW NDVDPPKDTI VKNITLNFGP QHPAAHGVL RVMELSGEMV RKCDPHIGLL120  
HRGTEKLEIY KTYLQALPYF DRLDYVSMMC NEQAYSLAVE KLLNIRPPPR AQWIRVLFGE180  
ITRLLNHIMA VTTHALDLGA MTPFFWLFEE REKMFEFYER VSGARMHAAY IRPGGVHQDL240  
PLGLMDDIYQ FSKNFSLRLD ELEELLTNNR IWRNRTIDIG VVTAEALNY GFSGVMLRGS300  
GIQWDLRKTQ PYDVYDQVEF DVPVGSRGDC YDRYLCRVEE MRQSLRIIAQ CLNKMPPGEI360  
KVDDAKVSPP KRAEMKTSME SLIHHFKLYT EGYQVPPGAT YTAIEAPKGE FGVYLVSDGS420  
45 SRPYRCKIKA PGFAHLAGLD KMSKGHMLAD VVAIIGTQDI VFGEVDR 467

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 309:

50

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

# DE 198 17 948 A 1

QPSVHEHTHT HTHHTHTOR PISSEEQAEQ KKLIIRGDOT ILP(SPIY-S KIMILGTID; 60  
NDICQEVSLR HLVQTSQMGK TRSLDLASIR AAAAIRHQVH PKLSLGSLSG SICGSRNLV120  
ALSIQLKVMN Q 131

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 310:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

SQDTMRCWVL GPKVQGNVLH NCVLWRVHII PRWRLEPVGCF FAWVHNSSPK LLCPFHIWLP 60  
LPNTSAGLNR QSDSSRPQH LGRDAPEAAQ SPQRRHLTPA 100

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 311:

- (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

RRLRGGEPEST DRRDPESRT PAPPPTPRAM DPKDRKKIQF SVPAPPSQLD PRQVEMIRRR 60  
RPTPAMLFRL SEHSSPEEEA SPHQRASGEG HHLKSKRPNP CAYTPPSLKA VQRIAESHLQ120  
SISNLNENQA SEEEDELGEL RELGYPREED EEEEDAARL KS 162

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 312:

- (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

VSLGRNLSAL PPLSLAHRHP ACISQEEVEG TSLFPRNPLY PHPVLCSSPR LLGLRLLTSR 60  
15 RLRLVCVCLF AHLWLIPREP GHLLPDAHPC QSFLHSPSGR WDVRQPTLEN PENREQGFAL120  
HNSTPQILSP GHRRPTGQDP KIWGKEVLRT LRYP 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 313:

20

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

AQGLGLFDLR WCPSPEALWW GEASSSGEEC SESRNSMAGV GLLRRIISTW RGSSWLGGAG 60  
TENWIFLRSL GSMARGVGGG AGVRDSGSRR RSVLGSPRR R 101

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 314:

(A) LÄNGE: 162 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

SDRWTCSPPL GARMSRFPA VAGRAPRRQE EGRSRDLQE ERLSAVCIAD REEKGCTSQE 60

## DE 198 17 948 A 1

GGTPTTFPIQ KQRKKIIQAV RDNSFLIVTG NTGSGKTTQL PKYLYMAGFS QHGMICVTQP120  
RKVA AISVAQ RVAEEMKCTL GSKVGYQVRF DDCSSKETAI KY 162

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 315:

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

QIGGRARLHS GPGLCPGFPQ SRAGRQGGRR RVSGQETSRK SGSRLFASPI EKRKDARPRR60  
EELLQLFLFR NKEKRLFKL 79

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 316:

- (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

IGKVGVPVPPS WDVHPFSSLS AMQTAESRSS WRSLDRSPSS CRLGALPATA GNRDIDLAPS60  
GGEHVHRSE 69

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 317:

- (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

15 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60  
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAIFYQK120  
GENSCLSLFK NAFLYLSIRH YTSELYKRPG GTMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 318:

20

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKHFL60  
KRKGMSEPLF DKKQPVMSKG AQERWVSHLE AFRTQL 96

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 319:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
50 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

TCEPFRNPQV GKDPPTSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60  
RDLALLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGELS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 320:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

IRKREQGRSS PAPWESVFAS VPFRGDDGIF DDNFIEERKQ GLEQFINKVA GHPLAQNERC60  
LHMFLQDEII OKSYTPSKIR HA 82

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 321:

30

- (A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

RASPCPHGGQ QRRRRRLNAE GAEGARGGGS SYSEMAETVA DTRRLITKPQ NLNDAYGPPS 60  
NFLEIDVSNP QTVGVGRGRF TTYEIRVKTN LPIFKLKEST VRRYSDFEW LRSELERESK120  
VVVPPLPGKA FLRQFLLEEM MEYLMTILLR KENKGWSSL 159

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 322:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65



(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

15 FTSQPFKVTV SSSNSRFFQL ENRKICLDPD FVSGEAPAD PHRLRVAHID LEEVAGGSVG 60  
VIQVLR LGDQ PPGVSHGLRH FAVAAAAAG SLRPLRVQPP PPPLLPVGT RARA 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 323:

20

(A) LÄNGE: 374 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

40 RRAQESPLGR QSHLPRIYQA FLMSATFNED VQALKELILH NPVTLKLQES QLPGPDQLQQ 60  
FQVVCETEED KFLLLYALLK LSLIRGKSL L FVNTLERSYR LRLFLEQFSI PTCVLNGELP120  
LRSRCHIIISQ FNQGFYDCVI ATDAEVLGAP VKGKRRGRGP KGDKASDPEA GVARGIDFHH180  
VSAVLNFDLP PTPEAYIHRA GRTARANNPG IVLTFVLPT E QFHLGKIEEL LSGENRGPI L240  
45 LPYQFRMEI EGFYRCRDA MRSVTKQAIR EARLKEIKEE LLHSEKLKTY FEDNPRDLQL300  
LRHDLPLHPA VVKPHLGHPV DYLVPPALRG LVRPHKKRKK LSSSCRKAKR AKSQNPLRSF360  
KHKGKKFRPT AKPS 374

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 324:

55

(A) LÄNGE: 224 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

# DE 198 17 948 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

QVRRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRLL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60  
RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIQQLATYC120  
ARDVRVANVS AAEDSYSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLKRS LELLVVDEAD180  
LLFSFGFEEE LKSLLEWGRV TCPGFTRLFS CQLLLTRTYK HRSR 224

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 325:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

FFFFFFFFFG AAKIFILLSR GKMPAWKCQG AKGPSTAGPR TVCSGCAVST RASPVHEGCK 60  
PVLHNVLSSR EAQQPQEGLA VGLNFFPLCL KLRSGFWDFA LLAFLQEEDS FFRFL 115

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 326:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

YLQCQRSLCG AKCVTWAVET RHLLSPALMT LRKEDVIQ GK FLIPKLPVHV NRTSFYSSRC60  
TGSLAP 66

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 327:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

FRSCLFMLTG LLFIQDVLV PWHLKGNPDK GKPVEFGPI GSQDPSPVFH RYYHVFREGE60  
LEGACRTVSD VRILQSYDQ GNWCILQKA 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 328:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

SGLLKNHTPV SLIVVALQNS DITHSPAGTF QFSLTEHVV TMKHRTWVLG SYGKWLNR60  
AFIRISLQVP GNQYILTNNK KSC 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 329:

(A) LÄNGE: 185 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

# DE 198 17 948 A 1

ERRSKSREER EKEREREREE RERKRRREEE EREKERARCA ERRKRCRSRS RHCSTSLRR 60  
CSRSRDHKRS RSRERRRSRS RDRRRSRSHD RSEKHRRSRS RDRRRSKSRD RKSYPKRSKS120  
RDREQDRKSK EKEKRGSDDK KSSVKSGSRE KQSEDNTES KESDTKNEVN GTSEDIKSEG180  
DTQSN 185

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 330:

10

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

30

YHFPSIQCLC LHSFLDYRT SHYFFYHQIP SFLSPWIFYL VLCPDFCSCA YMTFDPGFLI 60  
FFDPDFEICV FFLIDHGFCF FVDLYFCFAF FLYFVTFCGP ETCCIFCLMF GLSVYFVND120  
SFFFLCHEPF LFLFLPLPFV FSFLFLPFLS PVLSSLCS CFSFLRRSSR IRLFGSSP 178

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 331:

40

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

55

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

60

VSPSMLMSSL VPLTSFLVSL SFDSVFVSSL CFSRLPDTL LFLSSDPLFS FSLDFLSCSL 60  
SRLLLLCLYD FRSRLFDLLR SRLRDLCLFS DRWLLLLLR SLLLLRLLSL LRDLWSRDL120  
LHLLSDVRLC LLRLRLLFL LSLRALSFS LSSSLRLFL SLSSLSLRS FSLSSLLLLL180  
LS 182

65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 332:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

GFGMQLVILR VTIFLPWCFA VEVPPAADHK GWDFVEGYFH QFFLTEKESP LLTQETQTQL60  
LQQFHRNGTD LLDMMQMHAS TAAPLWGA 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 333:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

PRRSRHS LPR RHKHSSCNNS IGMGQTYLTC RCMLLLQQPH CGVPDGS DNC ISPGRCKWIK60  
H 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 334:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:

# DE 198 17 948 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

STCIFLARCS CRTHQAPHSQ AAVAEACICM SSRSVPFRWN CCRSCVCVSW VRSGDSFVSVR60  
KN 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 335:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

VCPIPMELLQ ELCLCLLGKE WRLLLGQEKI MEIALNKVPS FMVCSRGHWN GETPGQEDSN60  
S 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 336:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

AEDTIQKRNS QFETVTPPAP NCGDEERKQW LWFLSEGRLR TERSNHQGHR FWKSSRGGWL60  
EEQ 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 337:

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

20

KGWRSDFTVG GRQRDQGHVQ TGSFFSISLL SKSRTAQWLC QGGSSSYSHF SGSLKSTRYY60  
RGSRS 65

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 338:

(A) LÄNGE: 249 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

50

SCGDVEQKIQ FKRETASLKL LPHQPRIVEM KKGSNGYGFY LRAGSEQKGQ IIKDIDSGSP 60  
AEEAGLKNND LVVAVNGESV ETLDHDSVVE MIRKGGDQTS LLVVDKETDN MYRLAHFSPF120  
LYYQSQELPN GSVKEAPAPT PTSLEVSSPP DTTEEVDHQP KLCRLAKGEN GYGFHLNAIR180  
GLPGSFIKEV QKGGPADLAG LEDEDVIEV NGVNVLDPEY EKVVDRIQSS GKNVTLLVCG240  
KKAYDYFQA 249

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 339:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

# DE 198 17 948 A 1

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

: 5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

ITGVQPEHIQ YLKNYFHLWT RQLAHYHYH IHGPKGNEIR TSKEVEPFNN IDIEISMFEK60 10  
GKVPKIV 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 340:

15

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

35

RIFITTIFMA QKEMKYEHQK KLNLSLIL KFLCLKKGRY LRLS 44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 341:

40

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

60

KVQLLLMFVF HFLLGHEYSS DKYALTVVSK GGNNFSSTVC VLVVPL 46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 342:

65

(A) LÄNGE: 237 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein



(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 342:

20 GRWRRRLRHG RGSAAEAVGPT AMAELLQEEL SVLAAIFCRP HEWEVLSRSE TDGTVFRIHT 60  
KAEGFMDADI PLELVFHLVP NYPSCLPGIS INSEQLTRAQ CVTVKEKLE QAESLLSEPM120  
VHELVLWQQ NLRHILSQPE TGSGSEKCTF STSTMDDDL WITLLHLDHM RAKTKYVKIV180  
EKWASDLRLT GRMLFMGKII LDFTTGRQKQ PQGVLDSSN LQSRCGLKWK EMQREND 237

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 343:

30 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 343:

50 YLILLOQDRN NLKVYLILQK TSKVDVDSSG KKCKEKMISV LFETKVQTEH KRFLAFEVKE60  
YSALDELQKE FETAGLKKLF SEFVLALVK 89

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 344:

60 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

: 5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 344:

PLPKSNAKTT KNTAILLKDS CLPFHFTRAS TNSEKSELSF AVSNSFCNSS NAEYSLTSNA60  
RNLLCSVCTF VSNSTLIIFS LHFFPLESTS TLEVF 95

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 345:

15

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

35

RAGLFPGRRV GLEAENGPCQ HQHGDFVPCP VLSARMSQPE AEEAALVAHA VGHDCVCSGG60  
GVLLPHHRRN NL 72

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 346:

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

GRACFRGGAW GLRPRALAA TNMETLYRVP FLVLECPNLK LKKPPWLHMP SAMTVYALVV 60  
VSYFLITGGI IYDVIVEPPS VGSMTDEHGH QRPVAFLAYR VNGQYIMEGL ASSFLFTMGG120  
LGFIIIDRSN APNIPKLNRF LLLFIGFVCV LLSFFMARVF MRMKLPGYLM G 171

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 347:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

EAGCKSFHNI LSIYVGQES YWPLMPMFIS HRTDTWRFNN NIINYSSGDE EVRHHQSIH60  
 SHGRRHVQPG RLLQLQVGTG EH 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 348:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

HKVIVVWNNI GEKAPDELWN SLGPHPIPVI FKQQTANRMR NRLQVFPELE TNAVLMVDDD 60  
 TLISTPDLVF AFSVWQQFPD QIVGICFLES TSFTFIQGIY S:W 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 349:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:

# DE 198 17 948 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

5

ESKNKVGAD ECVIIYHQC IGFQFRKDLE SISHPVCCLL FEDHRDRVGP

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 350:

10

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

30

SGNCCQTEKA KTRSGVLSV SSSTINTALV SSSGKTWSRF LILFAVCCLK ITGIGWGP60  
FHNSSGAFSP ILFHTTITL 79

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 351:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

GTLRHSVHV V PPKHGHHKVL SSGVCSRLLG IQREGRNQEF QKHIHVATPA TSGILCSDKL60  
HGWEVFFLAR 70

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 352:

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

20 HLIPFMAKSS FRVGNQTQFC ACCSPKAWSS QSPEFWCVLP PPGYTERRQE SGVPEAYTCG60  
YPSNKRHPVL R 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 353:

25 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

45 SGQCGMQLGP DQPSSEQMAV VPISTKPQRA RKNTSQPCSL SEHRMPLVAG VATCICFWNS60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 354:

50 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

65

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

# DE 198 17 948 A 1

GLPARRPQCF LRAEMANSGL QLLGFSMAL' G'VVGIVACTA IFQWQMSSYA GDNIIITAQAM 60  
YKGLWMDCVT QSTGMMSCKM YCESYLALSFA LQATRALMVV SLVLGTLAMF VATMGMKCTR120  
CGGDDKVKA RIAMGGGIIF IVAGLAALVA CSWYGHQIVT DFYNPLIPTN IKYEFPAIF180  
IGWAGSALVI LGGALLSCSC PGNESKAGYR APRSYPKSNS SKEYV 225

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 355:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

QHHHGPGHVQ GAVDGLRHA E HGDDELQNV R LGARPVRGLA GHSSPNGGLP GAGLPGHVCG 60  
HDGHEVHALW GRRQSEEGPY SHGWRHNFHR GRSCRLGSL L LVWPSDCHRL L 111

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 356:

35

- (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

55

CCHPHRSSA TAGWRCRPPD PPSPAGPWR S PATAGPNWPF PPSENTGGAG RGDPTVKQTT 60  
LGGQPHKRKL EVEFSGHPKR QKGFGPGECK SCHQTHKST PPVKRWPRGT GSRIRREGGS120  
RQNWWSPKAR RFPPGALGDP LSPPASRLLT GVGP 154

60

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 357:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

15

NLTQVTFLFF CPPNVHASR LHFEALMNIP VLVLDVNDDF AEEVTKQEDL MREVGRTLTP60  
VFLVSLWLY LL 72

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 358:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

25

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

45

SPSHLSHEVF LFGYFLSKII IDIQHQHWNV HQSLKVEPIR SVNWGTTEKK KCNLSQVSHT60  
RQVLLREQI 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 360:

50

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

# DE 198 17 948 A 1

KRYNQRETTR KTGKVLPTS LMRSSCLVTS SAKSELSNT STGMFIPASK WSL

53

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 361:

5

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

25

SCWETKWTSC PRMLLATGRG CGSDCGRTVP APGSCWPLAP RATAPRQGRA TGRGESESAE 60  
LVPHSGQGRA ADQRQDLWS GRVDLCPSAL LALPWGRLLS GRHQRRQIHS L 111

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 362:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

TRNGSVFGCY RPHRFPAKGS VSLVSRGFQ HPPCAYHLLG QGRRSVSEAC RSYVTPDSNG 60  
WKRTNGQDFL LLLLKTLNVK RKDWGQPGSS GPTSKFPLQV ILCQALFKK 109

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 363:

60

(A) LÄNGE: 381 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

GPARRPAARL ARAGGPQAAD RAGKQSGPPA PGCSWLPAEA AGATVGGLCP RRAPAGPWHQ 60  
 15 GPQRPVKDEP QDGENPNPPN WSRTVVVDVR LISAKTGYGV EELISALQRS WRYRGDVYLV120  
 GATNAGKSTL FNTLLESQYC TAKGSEIDR ATISPWPGTT LNLKFPICN PTPYRMFKRH180  
 QRLKKDSTQA EEDLSEQEQN QLNVLKKHGY VVGRVGRFTL YSEEQKDNIP FEFDADSLAF240  
 DMENDPVMGT HKSTKQVELT AQDVKDAHWF YDTPGITKEN CILNLLTEKE VNIVLPTQSI300  
 20 VPRTFVLKPG MVLFLGAIGR IDFLQGNQSA WFTTVASNIL PVHITSLDRA DALYQKHAGH360  
 TLLQIPMGKK ERMGRISSC C 381

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 364:

25

(A) LÄNGE: 182 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

45

QPSTICTSVL VCLLSAMPLP VALQTRLAKR GILKHLEPEP EEEIIAEDYD DDPVDYEATR 60  
 LEGLPPSWYK VFDPSGLPY YWNADTDLV3 WLSPHDPNSV VTKSAKKLRS SNADAEKLD120  
 RSHDKSDRGH DKSDRSHEKL DRGHDKSDRG HDKSDRDRER GYDKSRNGIR DRGYDQADRE180  
 50 EG 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 365:

55

(A) LÄNGE: 149 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

60

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

# DE 198 17 948 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

5

RRHERDGRCD SLPLPARVYW SVCYQLCRCP LRCRPAWPRE ASSNIWSLNQ RKRSIPRTMT 60  
MILWTTTRPPG WRAYHQAGTR CSTLPAGSLT TGMQTQTLYP GSPHMTPTFW LPNRPRSSEA120  
VMQMLKKSMT GAMTSRTGAM TSRTAAMRN 149

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 366:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

15

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

PRSRSLSDLS WPRSDLSWPL SSFSWLRSWL SWPLSDLSWL RSNFSSASAL LLLSFLADLV60  
TTELGSCGES QDTRSVSAFQ 80

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 367:

(A) LÄNGE: 160 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

60

VAQQPALIHG YRKAVLTPNH VEFSLRYDAV LRGPMSDDDS HGSVLRLSQA LGNVTVVQKG 60  
ERDILSNGQQ VLVCSQEGSS RRCGGQGDLL SGSLGVLVHW ALLAGPQKTN GSSPLLVAAF120  
GACSLTRQCN HQAFQKHGRS TTSDMIAEV GAFFSKLFET 160

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 368:

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

ILNGNQFMLK LKIWQAPYAF STRVGPDPFI THTLSPVQGA CLLVCAGSG FKELAEGGPH 60  
LGDHVGGGGG ATVLLEGLVV ALPGERAGAK RGHQERAGPI CFLWSSKERP VYQDAQGARQ120  
EVPLPSTPAA AAFLAAHKHL LAVGEDVALS FLDHRHVAQG LAES 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 369:

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

KSGKHRTPSA HAWVRIFPSH TRSPPSKVPV YFWSARAQVS KSLKAAPTS AIMSEVVVER 60  
PCFWKAWWLH CLVREQAPNA ATRRGLDPFV FCGPARSAQC TRTPREPDRR SPCPPHLRL120  
PSWLHTSTCW PLERMSRSPF WTTVTLPRAW LSLSTDPWLS SLSIGPLSTA SYSLNSTWL180  
GVSTAFR 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 370:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

|                                            |    |    |
|--------------------------------------------|----|----|
| (vi) HERKUNFT:                             |    |    |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                     |    | 5  |
| :                                          |    |    |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:  |    |    |
| LFLFTNHNS GKPGCKHQHC HQLRICDQEC HLTVTGRRQK | 40 | 10 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 371:       |    |    |
| (A) LÄNGE: 34 Aminosäuren                  |    | 15 |
| (B) TYP: Protein                           |    |    |
| (C) STRANG: einzel                         |    |    |
| (D) TOPOLOGIE: linear                      |    | 20 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                       |    |    |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                     |    | 25 |
| (vi) HERKUNFT:                             |    |    |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                     |    | 30 |
| :                                          |    |    |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:  |    | 35 |
| QAEDKSETGL MRITGKLALA PFENELFHSL ADHP      | 34 |    |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 372:       |    | 40 |
| (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren                  |    |    |
| (B) TYP: Protein                           |    |    |
| (C) STRANG: einzel                         |    | 45 |
| (D) TOPOLOGIE: linear                      |    |    |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                       |    | 50 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                     |    |    |
| (vi) HERKUNFT:                             |    | 55 |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                     |    |    |
| :                                          |    |    |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:  |    | 60 |
| NSSFSGGAKA SFPVIRISPV SLSSACYRE MALLITDP   | 38 |    |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 373:       |    | 65 |
| (A) LÄNGE: 183 Aminosäuren                 |    |    |

- (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

20

RQLFGIVSIA TLTVLAYERY IRVVHARVIN FSWAWRAITY IWLYSLAWAG APLLGWNRYI 60  
LDVHGLGCTV DWKSKDANDS SFVLFLFLGC LVVPLGVIAH CYGHILYFHS NASLVWKIFR120  
QFK 123

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 374:

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

50

TVHSRGPCQS DQFFLGLEGH YLHLALLTGV GRSTSPGMEQ VHPGRTRTRL HCGLEIQGCQ 60  
RFLCAFLIS WLPGGAPGCH SPLLPYSIF PFECFVGVED LQTIQVIKIL KYEKKLAKMC120  
F 121

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 375:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

# DE 198 17 948 A 1

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

HPGAPPGSQE IRKAQRNRW HPWISSPQCS LVRVRPGCTC SIPGEVLLPT PVSRARCR 58

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 376:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

AFTCDFVPLC GLLEQWTTKS AMQFIKVDLV ICHPTAYGPC KPVLEANIL

49

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 377:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

FCTTLWPSGA MDNQVSYAVH KSGPGYMSSN SIWSLQACFG SQYSITYRNP LESDVFGSNI60  
FSQGSNGL 68

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 378:

65

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

20 HITRSTFMNC IADLVVHCSR RPQSGTKSQV KAQTAPVILV VLSLHSSPLA KTGLNMKSPA60  
PRPQ 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 379:

25

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

45

APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMETLCI 60  
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMLIP120  
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT PLIS 144

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 380:

- (A) LÄNGE: 254 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

# DE 198 17 948 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

YEIQSLPFFPS FSSAKLSLLW HSPVFTQMTM PSVQNGGECL RAYVSVTLEQ VAQWHDEQGH 60  
NGLWYVMQVV SQLDPRTSE FTAAFGVRLV STLISKAGRE LGENDQILR AILSKMQQAE120  
TLSVMQSLIM VFAHLVHTQL EPLLEFLCSL PGPTGKPALE FVMAEWTSRQ HLFYGYEGK180  
VSSVALCKLL QHGINADDER LQDIRVKGEE IYSMDGIRT RSKSAKNPER WTNIPLLVKI240  
LKLIINELSN VMGG 254

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 381:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

SLSGPNANEA DSHSGQHNAG PSRQDSCRAL CDTIDILTTV VRNTKPPLSQ LLICQAFPAV60  
AQCTLHTDDN AISAEWRRVL AGLCVSDPGT SSPVA 95

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3821:

(A) LÄNGE: 263 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMTLCI 60  
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMLIP120  
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT PIDILTTVVR NTKPPLSQLL ICQAFPAVAQ CTLHTDDNAT180  
MQNGGECLRA YVSVTLEQVA QWHDEQGHNG LWYVMQVVSQ LLDPRTSFT AAFVGRLCFH240  
PHLQGRAGTR GESRPDFFVP SFS 263



(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 383:

- 5 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

25 TLRCGGPGAG SPLASHTTVH CGPAHHATGL LVPGLTHRP ASTLRHSAWW HCHLCEGYTV60  
PQQGKLGR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 384:

- 30 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

HIGPQALSAI LHGGIVICVK GTLCHSRESL ADEKLGKGR L CFSYYCCQDI NGCRTKPCR N60  
55 LVCWGLHYAD QSGNQPHLHW ALTGFNLGQL LEDVLSQ 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 385:

- 60 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 17 948 A 1

|                                                                      |    |
|----------------------------------------------------------------------|----|
| (vi) HERKUNFT:                                                       |    |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                               |    |
| :                                                                    | 5  |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:                            |    |
| TRSSSPQTIT FDACVVIPCG DLQSQKQLSD SEKYLCPFKI KGSPYQDPCS LTNAGKQVCH 60 | 10 |
| SWNEVVTTE YQGWTSSTGG CMSLKPYIHF TKESTPHNCQ YNQCNPVQIS ILIPTSTDPK120  |    |
| PTLSCGIWHG SRNSRGTSYW 140                                            |    |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 386:                                 |    |
|                                                                      | 15 |
| (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren                                            |    |
| (B) TYP: Protein                                                     |    |
| (C) STRANG: einzel                                                   |    |
| (D) TOPOLOGIE: linear                                                | 20 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                                 |    |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                               | 25 |
| (vi) HERKUNFT:                                                       |    |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                               | 30 |
| :                                                                    |    |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:                            | 35 |
| DVPLLFRLLPC HIPQLKVGLG SVEVGMRIEI CTGLHWLYWQ LWGVLSLVK 49            |    |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 387:                                 | 40 |
|                                                                      |    |
| (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren                                            |    |
| (B) TYP: Protein                                                     |    |
| (C) STRANG: einzel                                                   | 45 |
| (D) TOPOLOGIE: linear                                                |    |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                                 |    |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                               | 50 |
| (vi) HERKUNFT:                                                       |    |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                               | 55 |
| :                                                                    |    |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:                            | 60 |
| SECMVLRTYN HRLTRSSLDI QLSTPPHSSY GRPVFLHSLR NKGLDRGSL S 51           |    |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 388:                                 | 65 |
|                                                                      |    |
| (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren                                            |    |

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

SSSPLSFCWF LPSPAASCSS SCPSGMTSWS RSGPSISGFS WLTDRAACTC GVPSSPAPP60  
KPLPPTGLSS TPAPGLAPAA ACPSEAPINT DLMVPFP 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 389:

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

GKGTMRSVLI GASEGQAAAG ARPGAGVEDR PVGGRGFPGA GELGQTPQVO AALSVSQENP 60  
EMEGPERDQL VIPDGQEEQ EAAGEGRNQ KLRGEDDYNM DENEAESETD KQALAGNDR120  
NIDVFNVEDQ KRDTINLLDQ REKRNHTL 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 390:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

GPRDRLIQPS YFQRGKWGLE VTEHLAGALA PLASHRLPSS WDYRHTVTEA GPVCNSRCHL60  
QLKHSSYVMS LVTKVKLSHP EKAT 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 391:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 391:

CGKKCITLFL FLSPSLPLWC LRYWGSHSWG HSEATRNASS LHLAVSARTR NPQTSSQTS 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 392:

- (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 392:

TPRNLNFHFSK LTQFHCVENTV SLGSTKHPIT QFCFIVWTPS RLQGHGQEV CEEVCGFLVL 60  
ALTARCKLEA FLVASEWPQL WDPQYLRHHR GREGDRNRNR VMHFFPH 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 393:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 393:

15

VAPAVGSPVS QAPQRQRGGQ EQKQSYAFLS TLKKRNYTFR GMLSPRSTSS PVFHDLPKK60  
I 61

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 394:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 394:

40

CNCAPSLPDF SPLHPQCGIS LVPRGTPLDL WTSRPGQEEA TRNPRPLLLK FTASVVVPDS60  
SPAPGTTSTW GGAF 74

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 395:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

50

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

60

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 395:

65

# DE 198 17 948 A 1

ATVHPACQIF PHYTPSVAYP WSPEAHPLIC GPFGLDKRLI PETPGPCYSN SQPVWLCLTP GO  
RQPLEPHPPG EGPSEWSSDT AEGRPCPYPH CQVLSAQPGS EEELEELCEQ AV 112

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 396:

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

LCAKLGPOHI WSTLLVGTSP EHLTQPVHTA PRVPPLSQAG PTAPGSADKG MACPLRCQNS 60  
IQKAPPQVDV VPGAGEESGT TTLAVNLSNR GLGFLVAASC PGLEVHRSRG VPLGTKDMPH120  
WGCNGEKSGK LGAQL 135

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 396:

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

DRRSHGLLLY NLPGEQFKNM NQDPFDPLII QKSTQKYAQK YVGIH

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 397:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 397:

ERLSHCRLV MLALISLCTP CTHAFSPVFY QASVSCITLK CDH

43

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 398:

20

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 398:

40

WIKRILIHIF KLLSREVVQ QSMRASISLP LLGDACPHLP MYPMHSCLLS CFLSSLSFMY60  
YTKM 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 399:

45

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 399:

HIKIEFFGQN FWEAMHPTWA DIQPELFSRG EWYWQFMAEI HSDWLESMLY QLLNLSITL60  
AYCYYYISSI YRQKGHF 77

# DE 198 17 948 A 1

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 400:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 400:

SSLGKTFGKQ CILHGLIFSL SCSQEESGTG SLWLKSILIG WSLCYTSC

48

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 401:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 401:

FRNPALIEPS VGSTAEIFRA FNILKMAFLS IYRGNIIVTV CKSDTQNV

48

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 402:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:



(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 402:

EQLRLNISPC RMHCFPKVLP KELYFYVLSH RTGEKCSGHC WDLIFLGMGS GLMILATGVQ60  
ENGSPGSDSW 70

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 403:

15

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 403:

35

MCDFIRGICQ FSHCGSFSD F ACSSSKEARS FADFTIPQTC KFLTSSKLAL ALSSTFPFKS60  
NLC 63

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 404:

45

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 404:

MGITHECVIL LGASANSLTV VPSLTLPVHH LRRLDPSLTS PFLKPVSFSL LPNWLWFLQ60  
PFHSRAIFAK E 71

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 405:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

|                                                                      |    |
|----------------------------------------------------------------------|----|
| (B) TYP: Protein                                                     |    |
| (C) STRANG: einzel                                                   |    |
| (D) TOPOLOGIE: linear                                                | 5  |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                                 |    |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                               | 10 |
| (vi) HERKUNFT:                                                       |    |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                               | 15 |
| :                                                                    |    |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 405:                            |    |
| LGDDHIYNWDV NHFFSGIRAQ RHNLOGHIIY YEHFTVRLFI LPSTCAEMKP KQAVGFHKS160 | 20 |
| YVG                                                                  | 63 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 406:                                 |    |
|                                                                      | 25 |
| (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren                                            |    |
| (B) TYP: Protein                                                     |    |
| (C) STRANG: einzel                                                   | 30 |
| (D) TOPOLOGIE: linear                                                |    |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                                 |    |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                               | 35 |
| (vi) HERKUNFT:                                                       |    |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                               | 40 |
| :                                                                    |    |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 406:                            |    |
| LVEPNGLFWF HFSASRRQNK ESHSKMFIVD NMSLKVVPLC SYSTEEMIHI PIIDMVSQSE60  | 45 |
| ESFRLHXYV LCTCPMLGNR KIIVIDKT                                        | 88 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 407:                                 |    |
|                                                                      | 50 |
| (A) LÄNGE: 269 Aminosäuren                                           |    |
| (B) TYP: Protein                                                     |    |
| (C) STRANG: einzel                                                   | 55 |
| (D) TOPOLOGIE: linear                                                |    |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                                 |    |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                               | 60 |
| (vi) HERKUNFT:                                                       |    |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                               | 65 |
| :                                                                    |    |

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 407:

5 LTVVYTVFYA LLFVFIYVQL WLVLRYRHKR LSYQSVFLFL CLFWASRRTV LFSFYFKDFV 60  
 AANSLSPFVF WLLYCFPVCL QFFTLLTMNL YFTQVIFKAK SKYSPELLKY RLPLYLASLF120  
 ISLVFLLVNL TCAVLVKTGN WERKVIVSVR VAINDTLFLV CAVSLICLY KISKMSLANI180  
 YLESGSSVC QVTAIGVTVI LLYTSRACYN LFILSFSQNK SVHSFDYDWY NVSDQADLKN240  
 10 QLGDAYVLF GVVLFVWELL PTTLVVYFFR VRNPTKDLTN PGMVPSHGFS PQILFL 296

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 408:

- 15 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 408:

35 HRRHLRVLRA ALRVHLRAAL AGAALPPQAA QLPERLPLSL PLLGLPADRP LLLLQRLRG 60  
 GQFAQPLRLL AALLLPCVPA VFHPHADELV LHAGDFQSQV KIFSRITQIP VAPLPGLPLH120  
 QPCFPVGEFN LCCAGKDGKL GEEGYRLCAS GH 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 409:

40

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 55 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 409:

LGFEHLREV QVHQREGEKL QAHREAVEQP EDEGAERIGR HEVFEVEGEE DGPPGGPEEA 60  
 EKEEDALVAE PLVAVTQHQP ELHVDEHEEQ RVEHGVDGGE 100

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 410:

- (A) LÄNGE: 268 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 410:

20

APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMETLCI 60  
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMRLLP120  
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT AIDILTTVVR NTKPPLSQLL ICQAFFPAVAQ CTLHTDDNAT180  
MQNGGECLRA YVSVTLEQVA QWHDEQGHNG LWYVMQVVSQ LLDPRTSEFT AAFVGAFFVST240  
LISKAGRELG ENLDQISSCH PSVKMAGG 268

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 411:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 411:

50

HIGPQALSAI LHGGIVICVK GTLCHSRESL ADEKLKGKRL CISYYCCQDI NGCRTKPCRN60  
LCWGLHYAD QSGNQPHLHW ALTGFNLGQL LEDVLSQ 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 412:

55

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 412:

10 PPAILTEGWH EEIWSRFSPS SRPALEMRVE TKAPTKAAVN SEVRGSRSWL TTCITYHSPL60  
WPCSSCHWAT CSRVTDT 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 413:

15 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 413:

35 IGFASIPPRI SGSPSILLAF YPHPPSPKLG PVLLCARETP KFRKRSIFYR GGFILDQKNK60  
KN 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 414:

40

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 414:

60

DLIYNYYCYP SDLSFSAIDV IAISRSSHNV FNPALILMLR MEFLTSSLKE PQPPNTYTYT60  
SRIAK 65

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 415:

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 415:

20

LDLSPFHHVF PDPHPSFWLF TRIRHLRSWG QCYYVPGKPR NLGENQYFTG EDSSLTKKIK60  
KIKNTKKFMF LYCIPKECLY TVIILKENTS MLDI 94

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 416:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 416:

GRNDQNLNH IPQAGPFAGP YRLGWPLLSS GIRLPDWLVL HVSIKLKVIP WPPPGENQPH60  
PASWGQWGRD FGLSEQLLEA AHD 83

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 417:

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 417:

RRKASIIAFK GILLTLTQGV QSAREPILIS SSKMFLEENP WNVLKDVSGV RSSMWLAKGH60  
LYLFQLEFIN SCSLVSLGAE VWHIFKPVHS RIQ 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 418:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 418:

TLNPHKTLISA KKARVIFFCI QDSTANLVFC YKNLVSHFLL KRTRITGTHP QLHETPSFLN60  
EHESIYVHPS THMKMLCSST GMDGIRIKPI WKLKYF 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 419:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 419:

YSFFFFLYQN NHLPLFFLER EEESGEEGKN AKCHFELLVH HTRGSPLMSA ASVHRPQVKE60  
RMRSSWTS 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 420:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

DE 198 17 948 A 1

|                                                                     |    |
|---------------------------------------------------------------------|----|
| (D) TOPOLOGIE: linear                                               |    |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                                | 5  |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                              |    |
| (vi) HERKUNFT:                                                      | 10 |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                              |    |
| :                                                                   |    |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 420:                           | 15 |
| KPSIHFFFSC TKTIIFLYFS WSGKRRVEKK GRMQSVTLNF SFTTHVGVHS CQQPPCTGPR60 |    |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 421:                                | 20 |
| (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren                                           |    |
| (B) TYP: Protein                                                    | 25 |
| (C) STRANG: einzel                                                  |    |
| (D) TOPOLOGIE: linear                                               |    |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                                | 30 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                              |    |
| (vi) HERKUNFT:                                                      | 35 |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                              |    |
| :                                                                   |    |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 421:                           | 40 |
| DAGCRFVAPA LSGSPEITPQ RQLPFVNTRQ AVLAGPTRPH SFFHLGPVHG GC           | 52 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 422:                                | 45 |
| (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren                                           |    |
| (B) TYP: Protein                                                    | 50 |
| (C) STRANG: einzel                                                  |    |
| (D) TOPOLOGIE: linear                                               |    |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                                | 55 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                              |    |
| (vi) HERKUNFT:                                                      | 60 |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                              |    |
| :                                                                   |    |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 422:                           | 65 |
| VLGKSSMSIT IVWKANLHPK QIEVSQVKPH RMANRCLGCR MQVRGPGPVW LP           | 52 |



(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 423:

- 5 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 423:

25 YRYVFPTTHY GYNGVELQTV KFCFGLVSPD PPRQELPLPP YLPALKLCPI KLDTNLTGF 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 424:

- 30 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 424:

50 VTCLSLYVET NFTMITDLN ISSLNFTIL KLLGKLTPF CSKGALHLLK PWGHTSSVAS60  
EGQILWVVG D NEVLTYVIL 79

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 425:

- 60 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

|                                                                      |    |
|----------------------------------------------------------------------|----|
| (vi) HERKUNFT:                                                       |    |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                               |    |
| :                                                                    | 5  |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 425:                            |    |
| HKKTSSYSGV TVCSYDSIIR LKAGEICVQF NRTQLKGRQV GWERKLLSGG IRGNQSKTKF 60 |    |
| YCLQFNSIIA IMCSGKHIPV LLDRVSFPFS GTKMVEGIIN PT 102                   | 10 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 426:                                 |    |
| (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren                                            | 15 |
| (B) TYP: Protein                                                     |    |
| (C) STRANG: einzel                                                   |    |
| (D) TOPOLOGIE: linear                                                | 20 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                                 |    |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                               | 25 |
| (vi) HERKUNFT:                                                       |    |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                               | 30 |
| :                                                                    |    |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 426:                            |    |
| SMPFQFGTQP RRFVVEGGDS SIELEPGLSS SAACNGKEMS PTRQLRRCPG SHCLTITDVP60  | 35 |
| VTVYATTRKP PAQSSKEMHP K 81                                           |    |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 427:                                 |    |
| (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren                                            |    |
| (B) TYP: Protein                                                     |    |
| (C) STRANG: einzel                                                   | 45 |
| (D) TOPOLOGIE: linear                                                |    |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                                 |    |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                               | 50 |
| (vi) HERKUNFT:                                                       |    |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                               | 55 |
| :                                                                    |    |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 427:                            |    |
| GRASALACHR YRSDWASGLY ILAALSTSSS IGSSGGRGNW QQVGNYVKES PDVIISGCHR60  |    |
| NI 62                                                                | 60 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 428:                                 |    |
|                                                                      | 65 |

- 5 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 428:

REHQLLSGND FQGTSGVAWL VTSPSHYRQH WSSAQVPAQL KNLLLPLETS LAGFQIEKAY 60  
FTENQKRLSL IPVEVNKSM L STGLSTEGWN CQRNDDQMFR 100

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 429:

- 30 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 429:

NSHLNVTLLII IMLIFSISYR NQSLKLHRG LKNVYHSIFI 40

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 430:

- 55 (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 65 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 430:

GGIGYKGGRYL NSSNNGYNPF FHNHLGCFKA I

31

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 431:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 431:

TLIPIRDKN QHNYQCHIQ VGILPNTTIK GRIKLDNLIK KYKAFKNLTH HLK

53

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 432:

(A) LÄNGE: 31 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 432:

IALKHPKWLW KKGLYPLFEL FRYLPLYPIP P

31

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 433:

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren

60

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 433:

15 CNIFQWGPSE HTCWTVTQIS SPEGKYFCIR GNSVLERNMF FISQIKTLSN GKLASNFFKY60  
SIFFSPLVVT GFYRSSYTV C FNSGP 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 434:

20 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 434:

40 LLIREINQVF PLIYDAIYFS GGLQSTPVGR CKPYLLQKAN T FVSEETQFW RGICSLYLKS60  
KLSLMVNWLL IFLSTVFFFP L 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 435:

45

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 435:

65

YKSICLLEKI WFAPSNRCAL KAPTEIYCII DEGKDLVNFS YQKLVFRTSC PTWLPGAQGF60  
FSEIVLRDPQ TCSPSPGATC ASSPRRQAVR SMRLS 95

## DE 198 17 948 A 1

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 436:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 436:

SCAFLLLWGH SGPTWASMDP GLEQAHLHLF HLRQCGSRCQ EGLTSGPSRF LCARNERP60  
ILPPRLDPEV RAGQPSRKHT V 81

25

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 437:

30

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 437:

50

SRWNDSHPIL ISPLTSLKLL SSSKSHCQLP YVVLGPREPW NLAPWGGLIP AREHSCFSRD60  
TVACMGQHGP WADHVHSCFS GDTVGPFGPA WTLG 94

55

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 438:

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 438:

HLEPHCLRWK RWRCACSSPG SMLAHVGPLC PQRSRNAHDQ PRVHAGPCR LPCLRSRNAL60  
VPELNHPRVP GSKAPWDPEP HTEVGNGSLM S 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 439:

(A) LÄNGE: 456 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 439:

ITKTHKVDLG LPEKKKKKKV VKEPETRYSV LNNDYFADV SPLRATSPSK SVAHQAPEM 60  
PLVKKKKKKK KGVSTLCEEH VEPETTLPAR RTEKSPSLRK QVFGHLEFLS GEKKNKKSPL120  
AMSHASGVKT SPDPQGEET TRVGKKLKKH KKEKKGADP TAFSVQDPWF CEAREARDVG180  
DTCSVGKKDE EQAALGQKRK RKSPREHNGK VKKKKKIHQE GDALPGHSPK SRSMESSPRK240  
GSKKKPKVKE APEYIPISDD PKASAKKKMK SKKKVEQPVI EEPALKRKKK KERESGVAGD300  
PWKEETDIDL EVVLEKKGNM DEAHIDQVRR KALQEEIDRE SGKTEASETR KWTGTQFGQW360  
DTAGFENEDQ KLKFLRLMGG FKNLSPSFSR PASTIARPNM ALGKKAADSL QQNLQRDYDR420  
AMSWKYSRGA GLGFSTAPNK IFYIDRNASK SVKLED 456

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 440:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 440:

# DE 198 17 948 A 1

VRVCFLPRV SCYPTLSLL FLFPQSWLLD DWLLYLLFGL KLFELCGGLRV IIFYGDYFRSL 60  
NFDWLLFTSF PRAALHGPBG LGVAWEGISL LVDFFLHL PIVFSGALPL PFLPQGCLFL120  
ILLPH 125

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 441:

- (A) LÄNGE: 381 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 441:

SRCRFCCRLS AAFLPRAMLG LAIVLAGRLN EGDRELFKPPI SLRNFSFWSS FSKPAVSHWP 60  
NWVPVHFLVS EASVLPDSRS ISSCKAFRLT WSMCASSMLP FFSNTTSKSV SVSSFQGSPA120  
TPLSLSFLLL LFRAGSSMTG CSTFFLDFIF FFAEALGSSL MGYSGASTL TGFFLLPFLG180  
LLSMDLEGLE WPGRASPSWW IFFFFFTFPL CSLGLFRFRF CPKAACSSSF FPTEQVSPTS240  
LASLASQNGQ SWTEKAVGSW APFFSFLCFL SFLPTLVSSS PCLGSGEVFT PEAWDMARGD300  
FLFFFSPLRN SKWPNTCFLR LGDFSRLAG SVVSGSTCSS QRVLTPEFFF FFFFTRGISG360  
ACPWATLLEG DVALKGETSA K 381

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 442:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 442:

DHKNKLSLQS QTYIYLLSVN GEKISPYVLW VKCCNRLGLS NLP 43

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 443:

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel



(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 443:

MVISIFPPLL YKLIFTHLLL YKLTFINTNK RLVLSQFICH EPRNN

20

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 444:

25 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 444:

45 GKPKNCCDFD QGKLDNPNLL QHFTHKTYGL IFSPLTDSSI

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 445:

50 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 445:

# DE 198 17 948 A 1

GVGGGALRSA ALPWRTLPLT STCSRCTKPS TAEM:HLVQS VCLINILMLQ THDFKPIQL:CU  
RSVKNKSWNPL MMKCLQLI 70

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 446:

- (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 446:

RLRRRGWRSP FGGAPMAHIT INQYLQQVYE AIDS RDGASC AELVSFKHPH VANPRLQMAS 60  
PEEKCCQVLE PPYDEMFAAH LRCTYAVGNH DFIEAYKCQT VIVQSFLRAF QAHKEENWAL120  
LSCMQ 125

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 447:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 447:

MSCKHFIIRG FQDLLTLLW RGHLKSWVCN MRMEKRHQLC TRCSISAVDG FVHLLQVLVN60  
GNVRHGSAAE RRAPPPTFQA 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 448:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 448:

RSRGFSCVQT PCHFREVTA CVISLWQQVG GLPQGRWPE MCFRSLTHHS LHTRREHHSW60  
SILRMEI 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 449:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 449:

PITPYTHDVN TTPGAFSEWR FEFHVAASHT QTCHHSPHTH SRHSTAMSQK KFLVSDLKVL60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 450:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 450:

RATSGRSGFI KPSNLKQGTG FGSWLLNVVS GCVGNDGRFV CEKLPHGIIQI SILRMLQEW60  
SRRVCRE 67

## DE 198 17 948 A 1

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 451:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 451:

SASHPESRLC RGGADMQAPR GTLVFALVIA LVPVGREPSS QGSQSALQTY ELGSENVKVP 60  
IFEEDTPSVM EIEEMEELDKW MNSMNRNADF ECLPTLKEEK ESNHNPSDSE S 111

25

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 452:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 452:

EEWALEETAK GSCVYVDLKL IKFVSSSSSV GSLSRLPQGL LILENMSAIQ V 51

50

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 453:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

# DE 198 17 948 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 453:

FDSFSSFKVG KHSKSAFLFM LFIHLSSSSI SISITEGVSS SKIGTFTFSL PSSYVCKAL 59

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 454:

(A) LÄNGE: 107 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 454:

PITTCSLGDP GKDKYTCTHR GRERCVQRIC INILFSHPDM RSQCCMMKRW YDSTYVPIVL 60  
35 LFLYFLFRSF TIGRFQKHSF HHHLEMVCLN GDNSRSCSIS SRHGLLI 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 455:

40 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 455:

60 RRGVSFLLSR QKWYHYVAAL QSPRARSLEN HLLSRFFFFL RVGVSLCCPK TRPGNCWGA60  
GIAPVPQASR VGR 73

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 456:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

DE 198 17 948 A 1

|                                                                     |    |
|---------------------------------------------------------------------|----|
| (C) STRANG: einzel                                                  |    |
| (D) TOPOLOGIE: linear                                               |    |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                                | 5  |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                              |    |
|                                                                     | 10 |
| (vi) HERKUNFT:                                                      |    |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                              |    |
| :                                                                   | 15 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 456:                           |    |
| SWGNIVRLLP SKKKKNAKEG DSLESELWEI GERQHNDTIS AYLEGKKLLS FSCMVTVISS60 | 20 |
| RKDISKE                                                             | 67 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 457:                                |    |
|                                                                     | 25 |
| (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren                                           |    |
| (B) TYP: Protein                                                    |    |
| (C) STRANG: einzel                                                  |    |
| (D) TOPOLOGIE: linear                                               | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                                |    |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                              | 35 |
| (vi) HERKUNFT:                                                      |    |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                              | 40 |
| :                                                                   |    |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 457:                           | 45 |
| DQPSLPFIRH KTLNLTSMAT KIIGSPETKW IDATSGIYNS EKSSNLSVTT DFSESLQSSN60 |    |
| IESKEINGIH DESNAFESKA S                                             | 81 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 458:                                | 50 |
|                                                                     |    |
| (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren                                           |    |
| (B) TYP: Protein                                                    |    |
| (C) STRANG: einzel                                                  | 55 |
| (D) TOPOLOGIE: linear                                               |    |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                                |    |
|                                                                     | 60 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                              |    |
| (vi) HERKUNFT:                                                      | 65 |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                              |    |
| :                                                                   |    |

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 458:

5 QLISPKAFRV LILNPKKSME FMMKAMLLNQ KHLESIFFEK P 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 459:

- 10 (A) LÄNGE: 36 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 459:

30 IPEVASIHFV SGEPILVAI LVRLRVLCRI NGREGW 36

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 460:

- 35 (A) LÄNGE: 36 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 460:

55 NSEGFRRNQL LQIDLKIFLS CKFQKLHQST LFQVNL 36

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 461:

- 60 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

## DE 198 17 948 A 1

|                                                                                                                                                                  |          |
|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------|
| (vi) HERKUNFT:<br>(A) ORGANISMUS: MENSCH<br>:                                                                                                                    | 5        |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 461:<br><br>GRNRDQLNLH IPQAGPFAGP YRLGWPLLSS GIRLPDWLVL HVSILKLVIP WPPFGENQPH60<br>PASWGQWGRD FGLSEQLLEA AHD 83             | 10       |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 462:<br><br>(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren<br>(B) TYP: Protein<br>(C) STRANG: einzel<br>(D) TOPOLOGIE: linear                         | 15<br>20 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                                                                                                                             |          |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                                                                                                                           | 25       |
| (vi) HERKUNFT:<br>(A) ORGANISMUS: MENSCH<br>:                                                                                                                    | 30       |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 462:<br><br>RRKASIIAFK GILLTLTQGV QSAREPILIS SSKMFLEENP WNVLKDVSGV RSSMWLAKGH60<br>LYLFQLEFIN SCSLVSLGAE VWHIFKPVHS RIQ 93  | 35       |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 463:<br><br>(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren<br>(B) TYP: Protein<br>(C) STRANG: einzel<br>(D) TOPOLOGIE: linear                         | 40<br>45 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                                                                                                                             |          |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                                                                                                                           | 50       |
| (vi) HERKUNFT:<br>(A) ORGANISMUS: MENSCH<br>:                                                                                                                    | 55       |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:<br><br>TLNPHKTLA KKRVIFFCI QDSTANLVFC YKNLVSHFLL KRTRITGTHP QLHETPSFLN60<br>EHESIYVHPS THMKMLCSST GMDGIRIKPI WKLKYF 96 | 60<br>65 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 464:                                                                                                                             |          |



- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 464:

NLFTMKFLPE FSPFDTNMHH VSTFETQPNV ISVKSSLSLP SSNLPSPRVY LPFCAHLSYS60  
SMLFYNCDSF GSLGAI 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 465:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 465:

NQRMIEIYSN TKTERKCHST LKAANTIDHF IWLPSQESH NCKITCYCNS NVHKMAGKL 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 466:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 466:

5

HATVTQMCTK WQVNSRRRQI TAWKTQGRFY RNDIWLSLEG

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 467:

10

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 467:

30

IPLQRFSLLT SLFFVLKLDL LVVHASLSLV TVNNLPTSSN Q

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 468:

35

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 468:

55

LSKAIYFCKK AAACINHDHS STLNKERKRF LSLTQSLPLC HSPRGWGWA HSKLTRLAIC60  
EYFSK

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 469:

60

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 469:

15 PDWLFVNTPF NKEGKGDVSY SGGKCSFSGK NGCRVGNQGS RCELLIRTGG KVVHSN 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 470:

20 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 470:

40 ARPAPAGREG RGEGEATSRR CGVGHRA GPR EPAPHGAAV RPTPGPHHC AALSGAENYR 60  
SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRHRPRGW AAASRTWRS 109

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 471:

(A) LÄNGE: 399 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
50 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

60 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 471:

65 AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNP GPPSSLR RAFRRREL PF 60  
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRSRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120

## DE 198 17 948 A 1

PGVTEVTIIE KPPAERHMIS SWEQKNNVCM PEDVKNFYIM TNGFHMWJSV KLDEHIIPLG180  
SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLADL EDDTHEASCC QPEKTHFDSR SVIFELDSCN240  
GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWFDRALY WHFLTDFTTA YYRLLITHLG LPQWQYAFTS300  
YGISPQAKQW FSKYKPIYTN TNLLTEETDS FVNKLDPKSV FKSNNKIVIP KKKGPVQPAG360  
GQKGPSPGSG PSTSSTSKSS SGSGETPPGK LRHPSFQFA 399

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 472:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 472:

RSAGGFSSMV TSVTPGEDSR MRVMPRVFS RCGLLQPSPG DDASSMARD RDSRAAGAGG60  
GPDPAAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGGLV 96

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 473:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 473:

KYVSHANISI YKWRTLTLL FSYKIPNFVI ILSGITLYCK NASYFTFKFD NVCDEL 56

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 474:

- (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 474:

15

WIFRVCCISR EIHFYILFYY KHLDKGHLTH FKKHKCI

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 475:

20

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 475:

40

PKGLSIKVRN NLDTRRKRCR LLNFIIHHIH CQI

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 476:

45

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

60

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 476:

65

HIKIEFFGQN FWEAMHPTWA DIQPELFSRG EWYWQFMAEI HSDWLESMLY QLLNLSITL60  
AYCYYYISSI YRQKGHFRNI

80

# DE 198 17 948 A 1

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 477:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 477:

SSLGKTFGKQ CILHGLIFSL SCSQEESGTG SLWLKSILIG WSLCYTSC

48

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 478:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 478:

50

EQLRLNISPC RMHCFPKVLP KELYFYVLSH RTGEKCSGHC WDLIFLGMGS GLMILATGVQ60  
ENGSPGSDSW 70

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 479:

- (A) LÄNGE: 400 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 479:

10 PQQTPWAVAG RWCNGPSLHR NRAGLDLPTI DTGYDSQPQD VLGIRQLERP LPLTSVCYPQ 60  
DLPRPLRSRE FFQFEPQRYP ACAQMLPPNL SPHAPWNYHY HCPGSPDHQV PYGHDYPRAA120  
YQQVIQPALP GQPLPGASVR GLHPVQKVIL NYPSPWDQEE RPAQRDCSFP GLPRHQDQPH180  
HQPPNRAGAP GESLECPAEL RPQVPQPPSP AAVRPPSPNP PARGLTKTSN LPEELRKVFI240  
TYSMDTAMEV VKFVNFLLVN GFQTAIDIFE DRIRGIDIK WMERYLRDKT VMIIVAISPK300  
15 YKQDVEGAES QLDEDEHGLH TKYIHRMMQI EFIKQGS MNF RFIPVLPFNA KKEHVPTWLQ360  
NTHVYSWPKN KKNILLRLLR EEEYVAPPRG PLPTLQVVPL 400

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 480:

20

(A) LÄNGE: 225 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 480:

40

SSSGWRVARG SRHSSWGRRRL GNLWSQLCRA LQGLPRSTSS IRWLVMWLVL VPWKPRKGAV 60  
SLCGPLFLVP GAGIIQDNLL HRVQASHTGS RQGLPRQSRL DHLLVGCSR VMAIWHLVIG120  
TSRTMVMIVP WSMWGKIGRQ HLCTCWIPLR FKLRELPGE RSSEVLGVTH GGEGQGPFQL180  
45 PDAQDILGLG IISRVYGWQI QACSVPVQAG AVAPSPCYRP RSLLR 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 481:

50

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:  
65 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 481:

# DE 198 17 948 A 1

KQRMQSSHRL HFKARVCGGL RGRALHNRFP GGQRASRGGL EKNQFGVLPT SLSQNAVRTR 60  
PQTWPGLSDL GMNGVTREPP EGWAEAPVEE PHTLPLSAAA AGCFFYSWAS CRHECSEARW120  
AHAPS 125

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 482:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 482:

VAMTAKDCSI MIALSPCLQD ASSDQRPVVP SSRSRFAFSV SVLDLCLKPY ESIPHQYKLD60  
GXIVNYYSKT VRAKDNAVMS TRFKESEDCT LVLHKV 96

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 483:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 483:

LHCLPVCRMP ALIKGLWSLH RGPGLFPFCL CWTLTSSPTR AFPISINWTA RSSTIIQRLY60  
VPKTTT 66

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 484:

60

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 484:

15 NKAFTIRES D MSPGWERTI QNVFPGNGH FHFKSVSSFL GHSTHFLHSL SRKLFLVLFN 60  
SMSPRGNPTS KGVKSKNIHN QRSPTTENI SIIQPSHYVQ VSKTLQGKS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 485:

20 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 485:

40 CSSIPCLQEA IPPQKGLKAK TFTTKGHPTQ QKISLSFSLH IMFKFQRHCR ERVRPCGELM60  
CNLRFP 66

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 486:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
50 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 486:

ARPAPAGREG RGEGEATSRR CGVGHRAGPR EPAPHGAAV RPTPGPHHHC AALSGAENYR 60

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 487:

5

- (A) LÄNGE: 389 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 487:

25

AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNPGPPSSLR RAFRRRELPF 60  
 PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRSRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120  
 PGVTEVTIIE KPPAERHMIS SWEQKNNCVM PEDVKNFYLM TNGFHTWSV KLDEHIIPLG180  
 SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240  
 GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWFLDRLY WHFLTDTFTA YYRLITHLG LPQWQYFTS300  
 YGISPQAKQW FSMYKPITYN TNLLTEETDS FVNKLDPSKV FKSNNKIVIP KKKGPVQFAG360  
 GQKGPSPGSG PSTSSTSKSS SGSGNPTRK 389

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 488:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 488:

RSAGGFMMV TSVTPGEDSR MRVMPRVFS RCGLLQPSPG DDASSMARD RDSRAAGAGG60  
 GPDASAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGPGLV 96

60

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 489:

65

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
10

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 489:

20 LAAGRGKEEE MGFEDHGLPF LPLTHHTFPF PLSLSPLPKK KKKETFIMNQ QGFSPYQREM 60  
WKELKKPPFV PNSTLPIFYA TQTLSEFWVPF LQMDLLRRII VFHVFSPOVT KINICIYNLY120  
YCYIFVDNTF RWCWVIYYNL NLGISFGLPQ SC 152

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 490:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren  
30 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 490:

50 GPWLTFPAFD PSHPISSSFP LPAAKKKKKG NVYHESTGFQ SLSKRDVERA KETTLCSQLH60  
FTHILCNTNT VLLGPFLTDG PLEKNYRIPR F 91

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 491:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren  
60 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 491:

KWGTQRAGNF HYPILGLNLK EYIHYQELST KAGVKLHYTW LFTIPGSPPQ HDCGRPKDIP60  
RFRL 64

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 492:

15

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 492:

RFTASRVGNE PDINTPSSMP CPPSGPVPVK AGSHFSHPQA VPKALEEPKE RQEPSWELTL60  
MTRGQLAQFP LFSWEGETL 79

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 493:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 493:

KSSPDPARHY GSPPEGERRG KRSVPKVNPR SLGPTSLPTA TSHQPHARAR PFPLQLTAQQ 60  
MLGQNASPHL TKGLQPAGWE MNQILTTPPP CPAHLLGQYQ 100

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 494:

- 5 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 494:

25 KGSLPPTKQG KLGQLAPGHQ GQLPTWLLPF LGFFQGFGNS LGVGEVASCL HWYWPRRWAG60  
HGGGGVNIWF ISHPAGCKPL VK 82

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 495:

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
35 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 495:

RVSPQLNKG NWANWPLVIK VNSQLGSCLS LGSSRALGTA WGWEKWLPAP TGTGPEGGQG60  
MEEGVLISSG FPTLLAVNL 79

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 496:

- 60 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 17 948 A 1

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 496:

IQKVQYYTSP AAFVNGSLHS HWGTTVCMGR NSKCPHCGHW VGS AFCQGVC RNWLISVCQS60  
DQHTKVSAIK NVASLHPPSC YSGPSNLM 88

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 497:

15

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 497:

35

SHTSEKRRGT REEVTPASRS SISGVKRGTV ALPSWLRMRK SFLQWEEIHF SIPVQSDFMG60  
PVLNSDCIIN TIKRDSEMGs RIHWDNSKAY NTALMDPT 98

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 498:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 498:

AGYTPVSSTI RQLHQITGPR VTGWRMQGSH ILYGRDFGVL ITLAYRNKPI PADSLTKGTP60  
HPMTTMRALA VSAHAHSCTP MAV 83

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 499:

- 5 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 499:

25

GKICEYVNFL SLRDDRMFPY FSCKENNILT YTSCRKYHLF PLYYSTMFTL LYCQAESIKN60  
VHIHFELCIL FLKKGAGLWH WAGHD 85

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 500:

- 35 (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 500:

55 SYRLKGIGKC VFSRDHVESE QCWQTLPRKS CFSRCPCFGI SFLGRKKKSS LTIVNSISYF60  
SFCCSNGFPP TIIPSIYVLL YSPLSPVTFL SNTPFPPKF 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 501:

- 60 (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

# DE 198 17 948 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 501:

VSSCTSNHGV RSSLSSGEHK CTERDVL RVT TKELPSLSLT QAMCTDAAE CAGVGGGHVA60  
PPEHFLTGKL GDPLLVNFVE IRTVSFT 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 502:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 502:

TPKTLGCLLV SRVEQAQRES LGPELKEFIE PWQTGSKQPI LAAVLRRECG GQI 53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 503:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 503:

PSGPFSSLES TLLLQQVQAA IASFLSDCNS PIRFPCFYIC PPHSLNTAA RMGCLLPVCH60  
GSINSLSSGP KDSRWACSTR DTSRQPSVLG V 91



(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 504:

- 5 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

25 VFIYDSLIIIP TSISSVHTVC QMFHAEPVSR ILLSDYGGFT TRPGNSNLGS KVGHSSMHR 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 505:

- 30 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 505:

DRKFWNQKID PVFSYIQSST SEFLFLNIGV LALFLKDALY LKRKLDFTG CGAVKYFRPR60  
SVYTFYRRNE VL 72

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 506:

- 60 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 17 948 A 1

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 506:

SILGPGLCTH FIEEMKYSEV FWLPFHFCNV LNLSDHYYIV LLGAVVSFIK PLACVQKFLK 60  
GNTSNAYPLL ACYAACFTAI AVCFTVFVKI PLSPFLVTGK AC 102

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 507:

15

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 507:

35

NNEHKMLFII TSICEISYCK TTTGLLLNSL VIVFRLEMPPL TLVINITYN VFLGRHFIKC60  
IMPWLLLR 68

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 508:

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 508:

LKFLQVLKFF FYSLHWIYVF LIPNMFNWDV CHSRAARQTF KNSHTAELA FLLTQKFRKL60  
TVTVT 65

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 509:

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
 20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 509:

25 GPRAHWPLPN TMLEPKRANM GPEYNGDIFM FQPFNLTCLL LSFPPISSNL FCLTIYYLLG60  
 ITSSYRIPSS LMSCPQKY 78

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 510:

- 35 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 510:

55 SLKLLGFLDV ENTPCARHSI LYGSLGSVVA GFGHFLTSE YLYFLFLYVL KKAFLYIMNY60  
 FFF 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 511:

- 60 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 65 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

# DE 198 17 948 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 511:

SFVKWSPNLK LGNYEEKIA RYLLRSACRS AVGLVTIGSK VLLQWQILWP LSG

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 512:

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 512:

ICCRACHHWK QGPTSVADLV AFEWLKTTTL HRAGAMHRHP SLP

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 513:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 513:

QALQQIYRQT LTDTGQFSLL RNFLVLSWVT ILQNFTT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 514:

- 5 (A) LÄNGE: 228 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 514:

25 TGGARARRPL SAVARPARSS DPLRSAPLGP APPVNMIRCG LACERCRWIL PLLLLSAIAF 60  
DIIALAGRGW LQSSDHGQTS SLWWKCSQEG GGSGSYEEGC QSLMEYAWGR AAAAMLFCGF120  
IILVICFILS FFALCGPQML VFLRVIGLL ALAAVFQIIS LVIYPVKYTQ TFTLHANRAV180  
TYIYNWAYGF GWAATIILIG CAFFFCCLPN YEDDLLGNAK PRYFYTSA 228

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 515:

- 35 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:  
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 515:

55 DPLPPPSWEH FHHSEDVWPW SLDCNQPRPA SAMMSKAMAL SRSRGRIQRQ RSQARPQRIM60  
LTGGAGPSGA ERSSEERAG RATAESGLRA RAPP 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 516:

- 60 (A) LÄNGE: 208 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
65 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 516:

TLPKNGFKVA WRNSFFFWSP SQQQRFSP TF IPKLGRCVEV PGLGIAQKVI FVVGEAAEEE 60  
GTADQDNRG C PPKAVGPVID VSDSTVGMKG EGLGVLHGVN YQDDLEHSS QGKETSNSHQ120  
EDKHLGSTEG EGEDETDHQ DDEATEEHGS RCSTPRVLHE ALTALLVGPA AAALLGAFPP180  
QRGRLAVVAR LQPAAAGQRD DVEGDGAE 208

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 517:

(A) LÄNGE: 204 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 517:

PSCPPPEMKKE LPVDSCLPRS LELHPQKMDP KRQHIQLLSS LTECLTVDP L SASVWRQLYP 60  
KHLSSQSSLLL EHLSSWEQI PPKVQKSLQE TIQSLKLTNQ ELLRKGSSNN QDVVTCMAC120  
KGLLQQVQGP RLPWTRL LLL LLVFAVGFLC HDLRSHSSFQ ASLTGRLLRS SGFLPASQQA180  
CSKFTPTVCK VTGWLGEKCR FGVP 204

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 518:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

# DE 198 17 948 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 518:

5 PEVMAQEAYS EDQQQEEPR PGQPRTLNL QQALAGHVTG DDILVVTATL PQQLLVGKLE60  
GLNGFLQRL L YLLGNLLPGA EQVLQQKAGL 90

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 519:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 519:

35 GTPKRHFSPN QPVTLQTVGV NLEHACWLAG KKPDDRSNRP VREAWKELCD RRSWHRKPTA60  
KTSSNRRSRV QGSRGP 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 520:

40 (A) LÄNGE: 355 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 520:

65 FRHSMNGCEK DSSSTDSANE KPALIPREKK ISILEEPSKA LRGVTGPNIE KSVKDLQRCT 60  
VSLTRYRVM KEEVDSSVKK IKAFAELHN CIIDKEVSLM AEMDKVKEEA MEILTARQKK120  
AEELKRLTDL ASQMAEMQLA ELRAEIKHFV SERKYDEELG KAARFSCDIE QLKAQIMLCG180  
EITHPKNNYS SRTPCSSLLP LLNAHAATSG QSNFSRKSS THNKPSEGKA ANPKMVSSLP240  
STADPSHQTM PANKQNGSSN QRRRFNPQYH NNRLNGPAKS QGSGNEAEPL GKGNRHEHR300  
RQPHNGFRPK NKGGAKNQEA SLGMKTPEAP AHSEKPRRRQ ARCPTREGQ GPFRG 355

# DE 198 17 948 A 1

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 521:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 521:

NQNVKNRGTD KKCLPSVEKL PNPPWGQKNA TVKTPNRKLT PERPLALPRC PAACLPSPGL 60  
FRMGRGLGGL HPQGSLLIFG TAFVFGPEAV VRLSSVFVAA VALSQWLGF PTALRLGRPI120

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 522:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 522:

RAVRISMAS LTLISAIN TSLMMQLCN SAKAALIFFT ELSTSSLIMT RYLVRETVQR 60  
CKSFTDFSIF GPVTPRSF GSSSIEIFFS RGIRAGFSLA ESVDLSFSQ PFMLCR 116

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 523:

60

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 523:

15 RRQRKAEPGA CALGRVGSEC IPEPGARRTA QAAGLRVSG AANTKVRELK HFRFLGLLRS 60  
CRSEMEVDAP GVDGRDGLRE RRGFSEGGRQ NFDVRPQSGA NGLPKHSYWL DLWLFILFDV120  
VVFLFVYFLP 130

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 524:

25 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 524:

45 ISANKSWQKI HKEKHHHIEK DEKPEVQPVG VFGKPICPRL RPHIEVLPPS LAKASPLPET60  
ISTINTRCVH LHLAPAAS 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 525:

50

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

# DE 198 17 948 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 525:

GLTSKFCLPP SLKPRRSRRP SRPSTPGAST SISLLQLRNN PRNRKCLSSR TLVFAAPETE60  
RSPAACAVRR APGSGMHSEP TLPSAQAPGS AFRCL 95

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 526:

10

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

25

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 526:

30

SLNSTFSVLP QKFPQFQQHR AVYNSFSFPG QAARYPWMAF PRNSIMHLNH TANPTSNSNF 60  
LDLNLPPQHN TGLGGIPVAG EEEVKVSTMP LSTSSHSLQQ GQQPTSLHTT VA 112

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 527:

40

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

50

## (vi) HERKUNFT:

55

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 527:

60

RFRPCHCQPL PIHYNKDSSL QVSTLLWPDN RTERRGLDSG VLAWATGFLH DSFMILLMY60  
TPRRANINVP HA 72

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 528:

65

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 528:

RNHAQIQLPM QAPQSLILSS QFCCQATVVW RLVGCCPCCN EWEEVDSGMV ETFTSSSPAT 60  
 GIPPRPVLCC GGRFKSKLL FEVGFAVWFK CMMLLRGKAI QG 102

#### Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No. 1-126.
  - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
  - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID No. 1-126, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141, dadurch gekennzeichnet, daß sie im Uterustumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 141, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirts-

- zellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist. 5
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No. ORF 142.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.
26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen. 10
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 142, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor.
28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden können. 15
29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 in sense oder antisense Form.
30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Endometriumtumors.
31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Endometriumtumor. 20
32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 142.
33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist. 25
35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141.
36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist. 30
38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

---

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

---

- Leerseite -

# Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

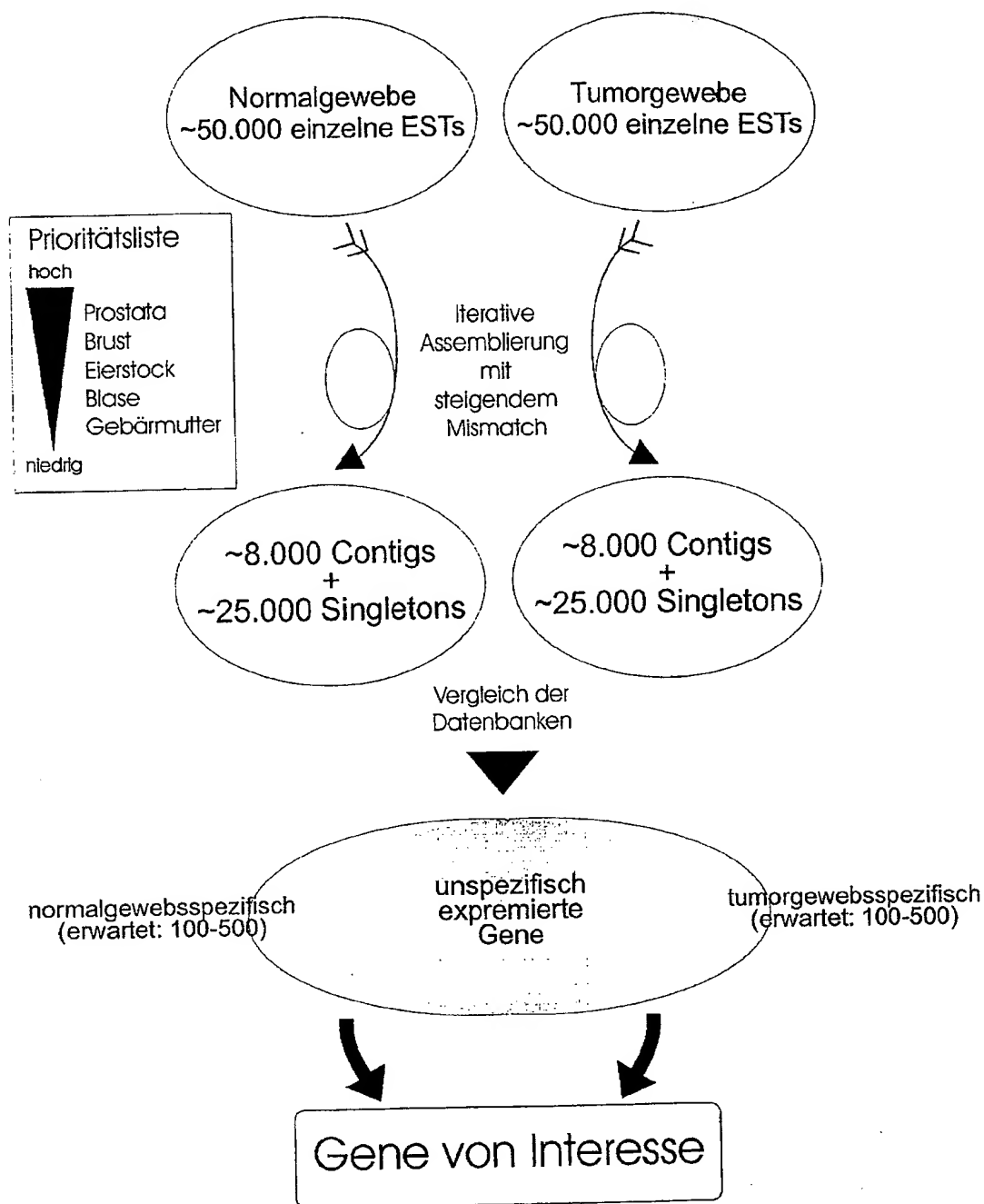


Fig. 1

# Prinzip der EST-Assemblierung

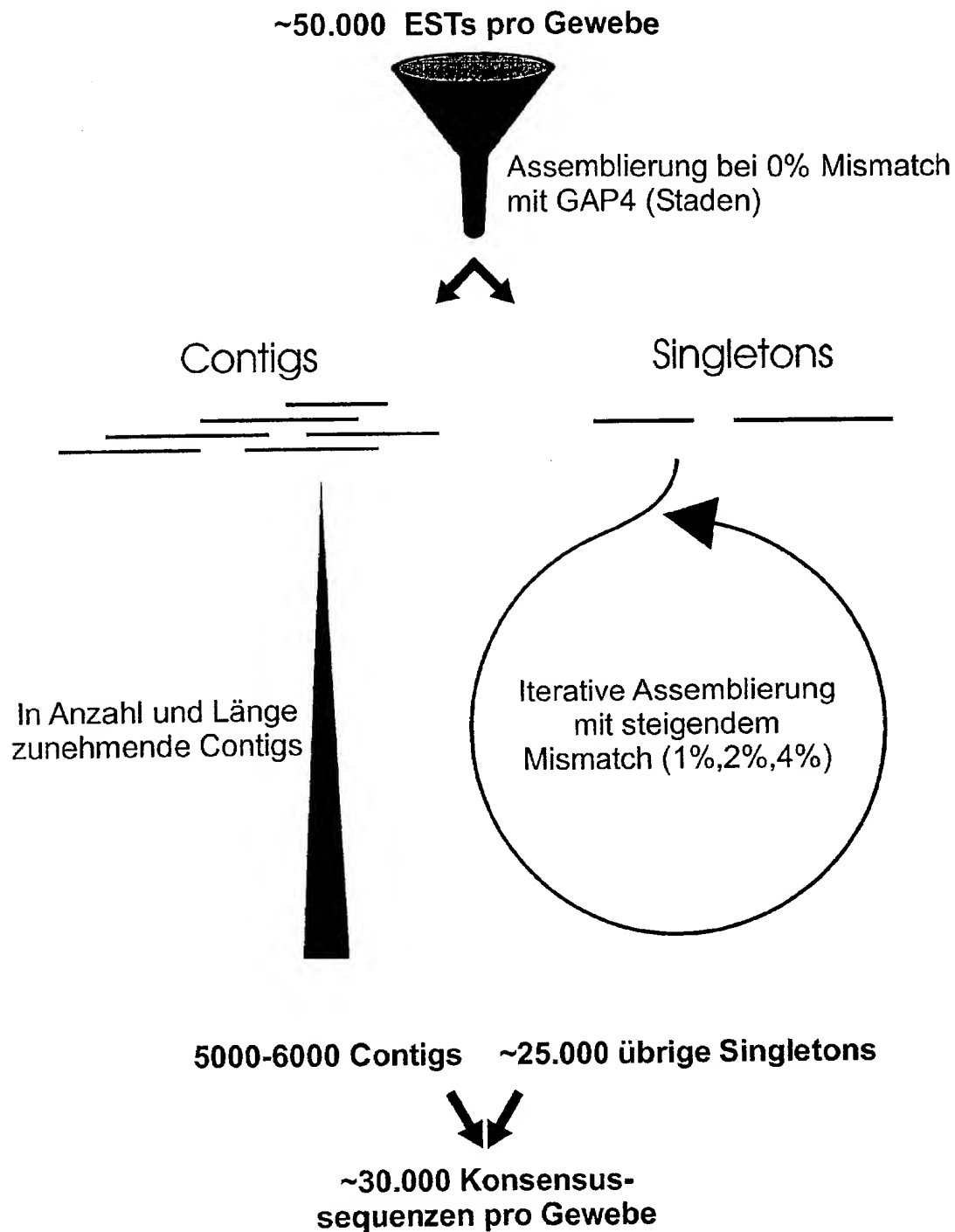


Fig. 2a

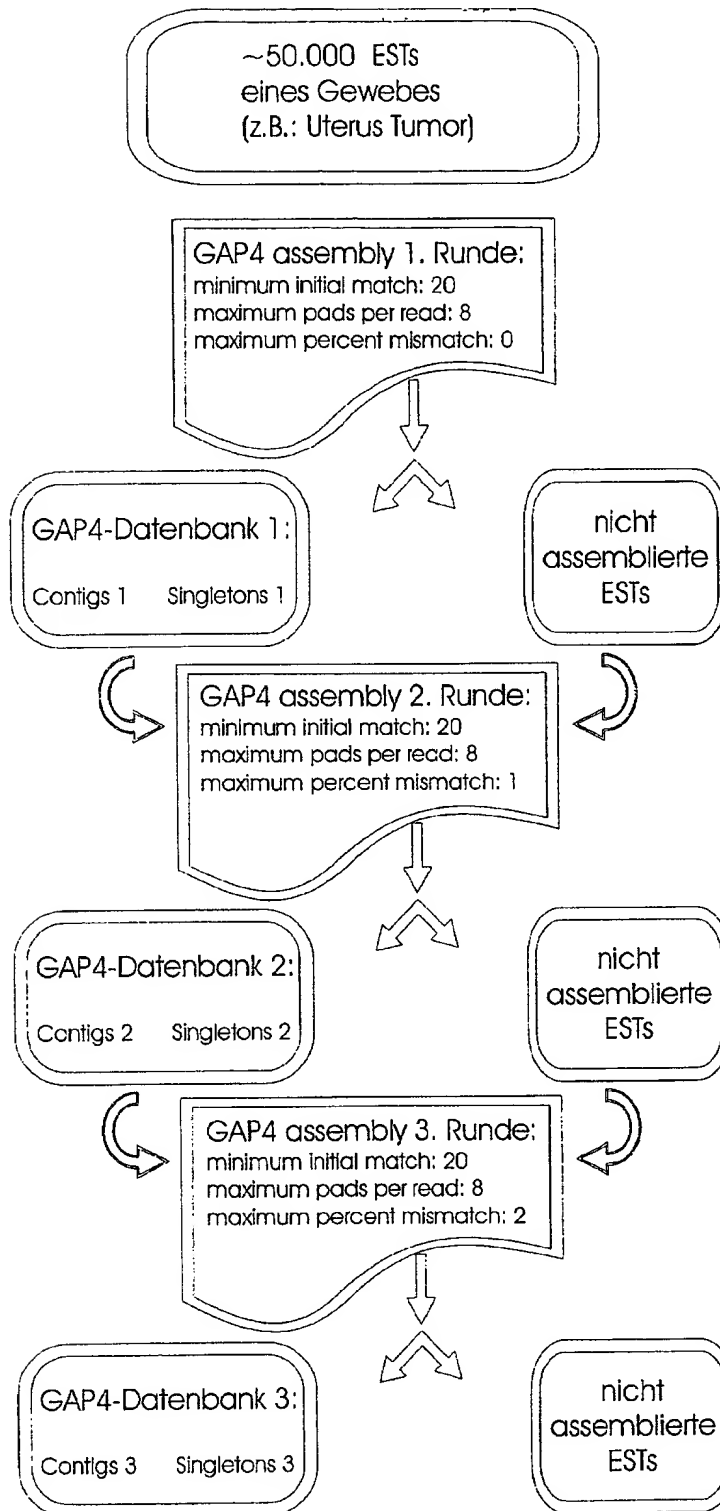


Fig. 2b1



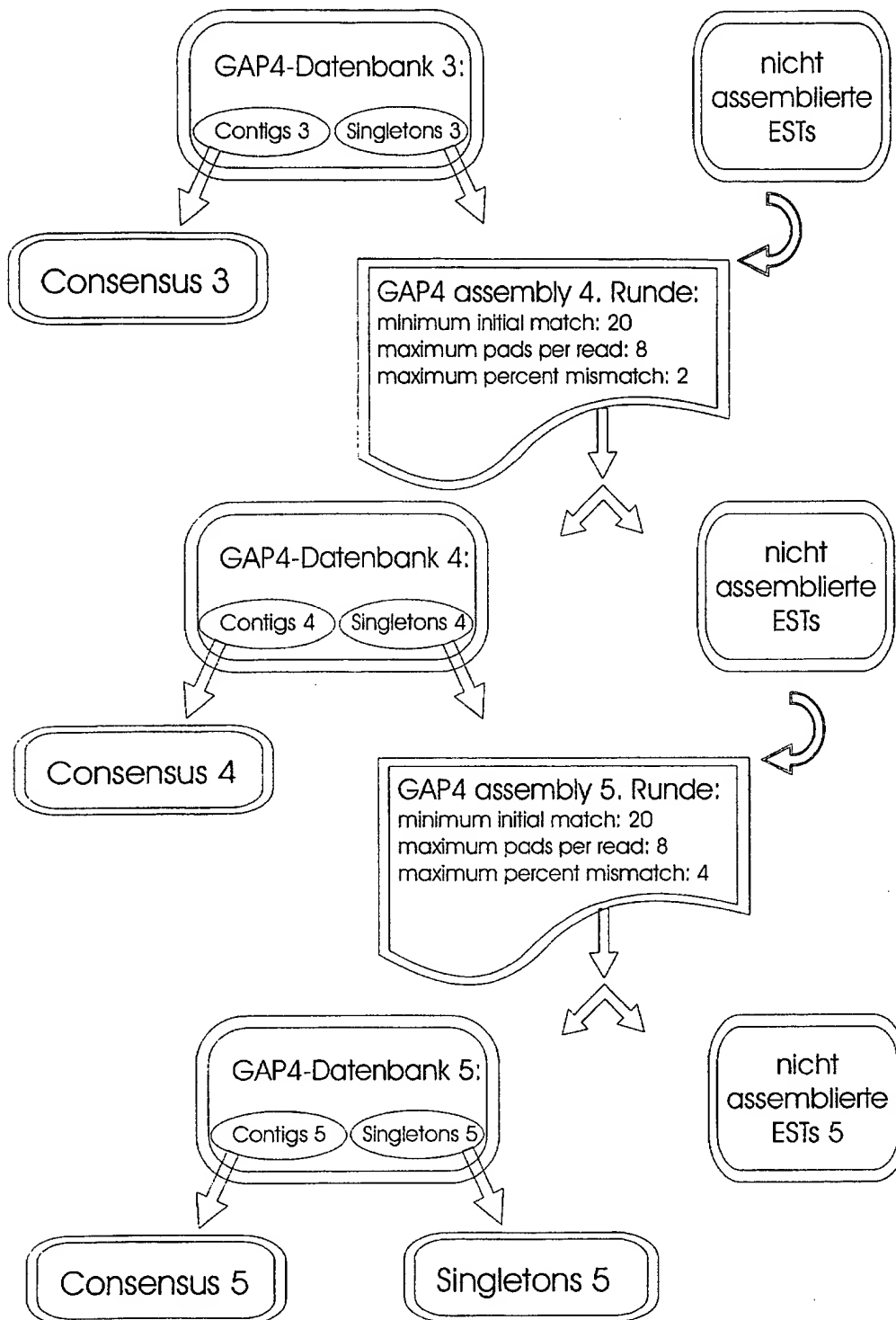


Fig. 2b2

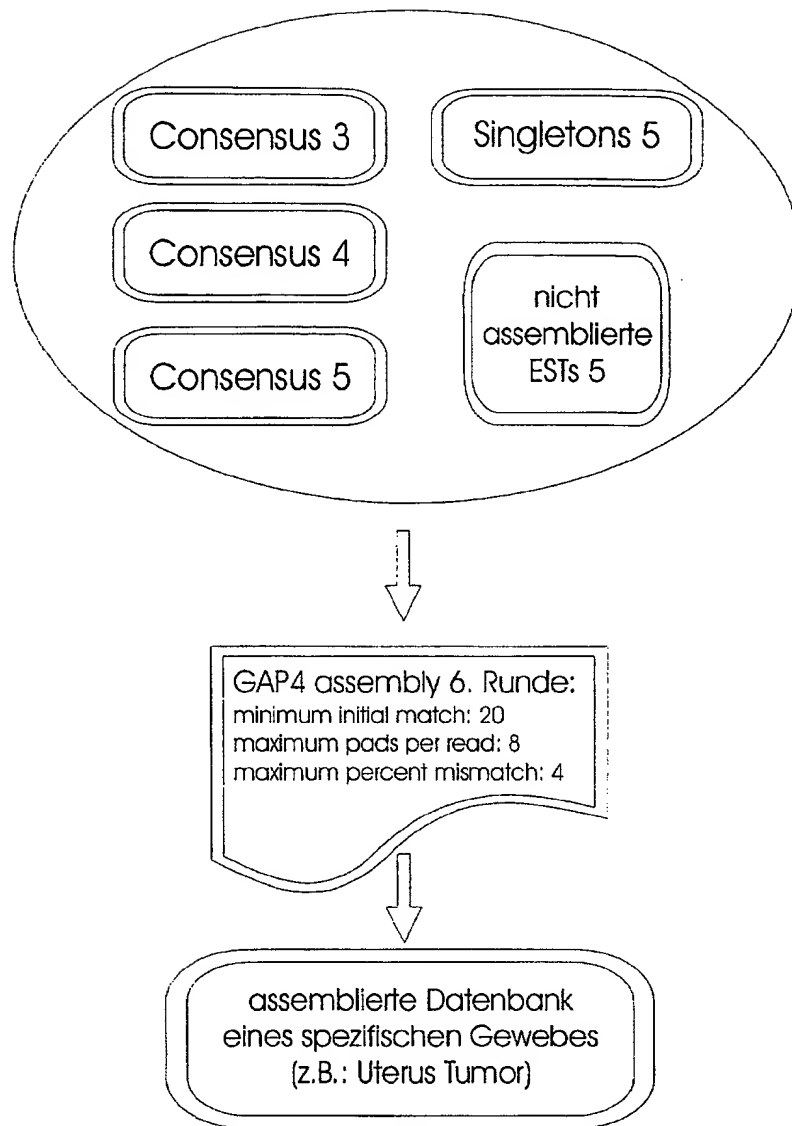


Fig. 2b3

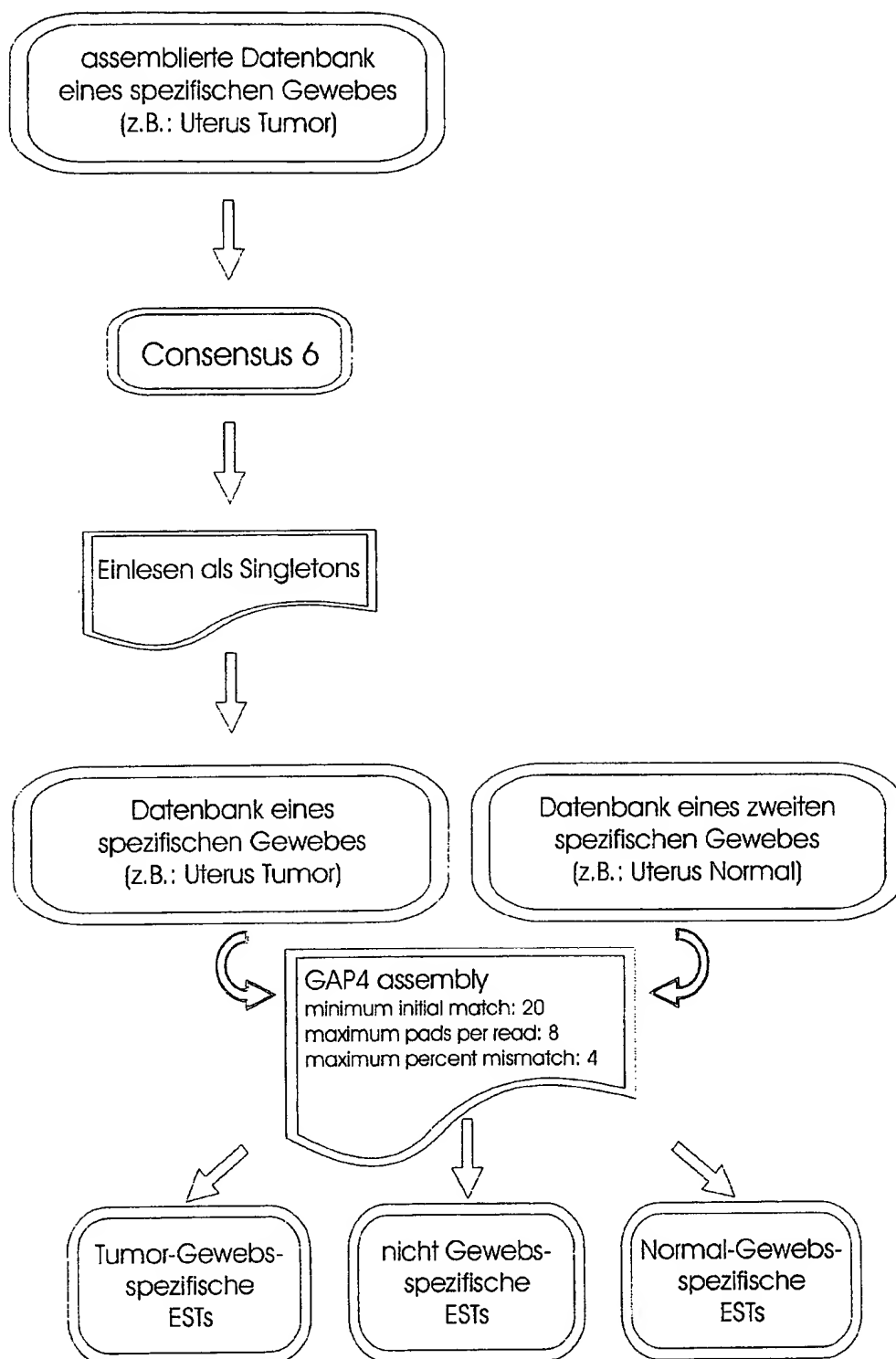


Fig. 2b4

# In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen  
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen  
Krebsgewebe

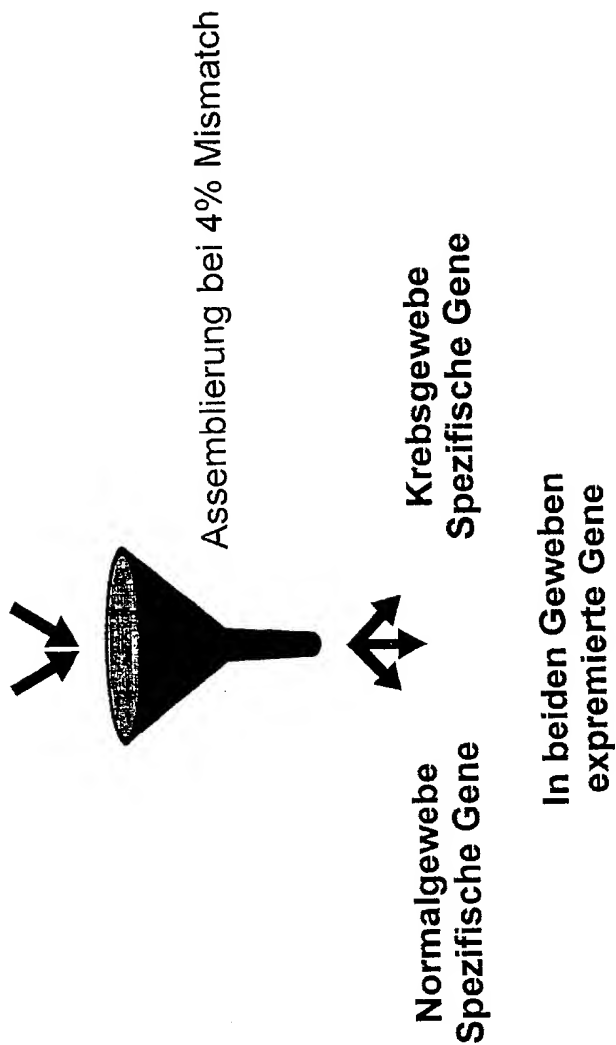


Fig. 3

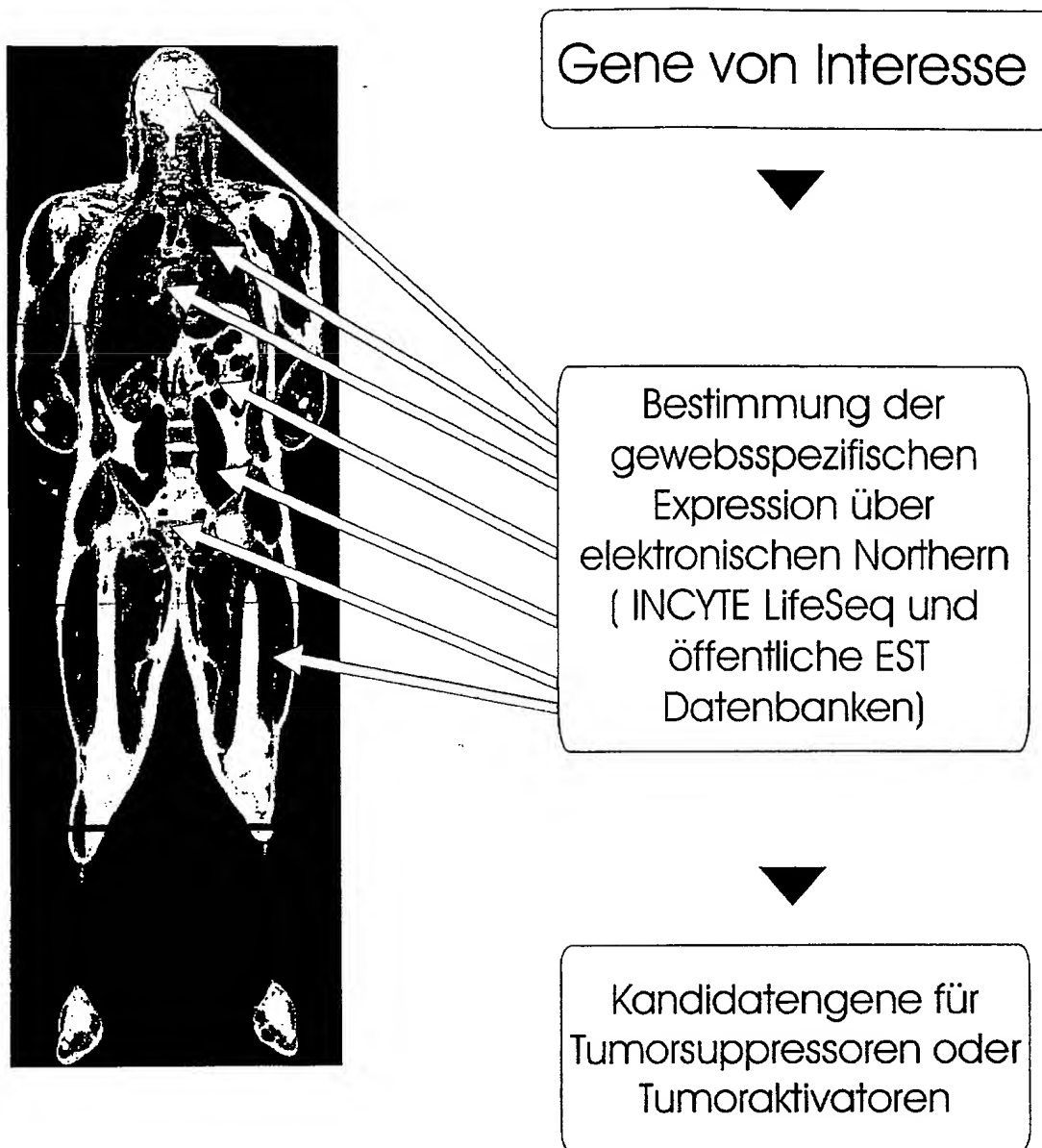


Fig. 4a

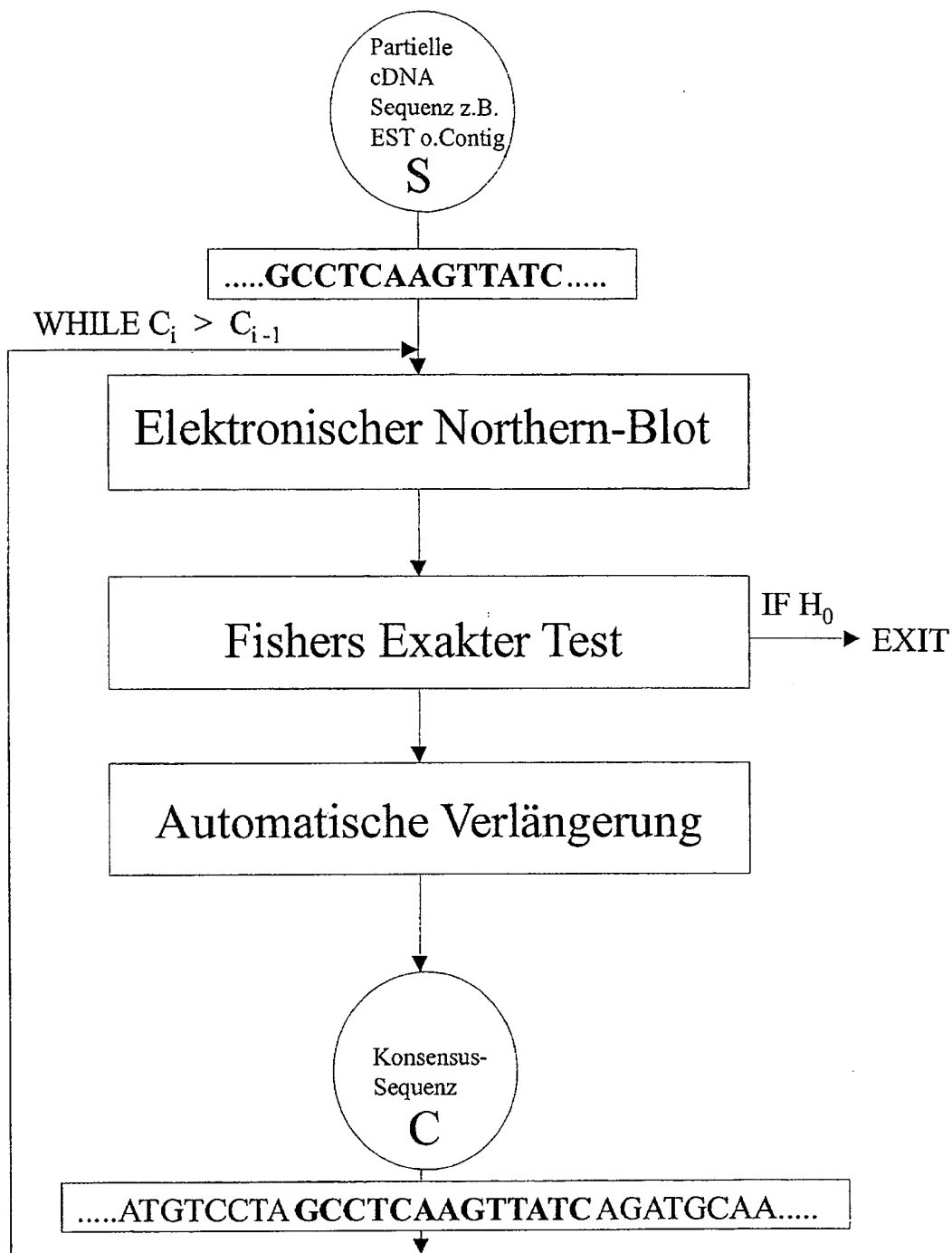


Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

**This Page Blank (uspro)**